



TUGAS AKHIR - KI141502

**SEGMENTASI SEL KANKER PAYUDARA PADA
CITRA MIKROSKOPIS MENGGUNAKAN FUZZY C-
MEANS DAN MODIFIKASI *WATERSHED***

**LUBNA NUR A'INI
NRP 5112100198**

**Dosen Pembimbing I
Dr. Eng. Chastine Fatichah, S.Kom., M.Kom.**

**Dosen Pembimbing II
Dini Adni Navastara, S.Kom, M.Sc.**

**JURUSAN TEKNIK INFORMATIKA
Fakultas Teknologi Informasi
Institut Teknologi Sepuluh Nopember
Surabaya 2016**



UNDERGRADUATE THESIS - KI141502

**SEGMENTATION of BREAST CANCER CELL on
MICROSCOPIC IMAGES USING FUZZY C-MEANS and
MODIFIED WATERSHED**

**LUBNA NUR A'INI
NRP 5112100198**

**Supervisor I
Dr. Eng. Chastine Fatichah, S.Kom., M.Kom.**

**Supervisor II
Dini Adni Navastara, S.Kom, M.Sc.**

**DEPARTMENT OF INFORMATICS
FACULTY OF INFORMATION TECHNOLOGY
INSTITUT TEKNOLOGI SEPULUH NOPEMBER
SURABAYA 2016**

LEMBAR PENGESAHAN

Segmentasi Sel Kanker Payudara pada Citra Mikroskopis Menggunakan Fuzzy C-Means dan Modifikasi *Watershed*

Tugas Akhir

Diajukan Untuk Memenuhi Salah Satu Syarat
Memperoleh Gelar Sarjana Komputer
pada
Bidang Studi Komputasi Cerdas dan Visi
Program Studi S-1 Jurusan Teknik Informatika
Fakultas Teknologi Informasi
Institut Teknologi Sepuluh Nopember

Oleh

LUBNA NUR A'INI
NRP : 5112 100 198

Disetujui oleh Dosen Pembimbing Tugas Akhir:

1. Dr. Eng. Chastine Fatichah, S.Kom.
NIP: 197512202001122002 (Pembimbing 1)
2. Dini Adni Navastara, S.Kom.
NIP: 198510172015042001 (Pembimbing 2)



SURABAYA
JUNI, 2016

Segmentasi Sel Kanker Payudara pada Citra Mikroskopis Menggunakan Fuzzy C-Means dan Modifikasi Watershed

Nama Mahasiswa : LUBNA NUR A'INI
NRP : 5112100198
Jurusan : Teknik Informatika FTIF-ITS
Dosen Pembimbing 1 : Dr.Eng. Chastine Fatichah, S.Kom., M.Kom.
Dosen Pembimbing 2 : Dini Adni Navastara, S.Kom.,M.Sc.,

ABSTRAK

Kanker payudara merupakan masalah besar di Indonesia maupun di negara lain. Citra mikroskopis sel kanker payudara memiliki beberapa macam karakteristik seperti warna, bentuk, ukuran, maupun tekstur yang menyebabkan segmentasi sulit dilakukan akibat terdapat sel bertumpuk.

Tugas akhir ini mengimplementasikan algoritma Fuzzy C-Means dan modifikasi Watershed untuk memisahkan sel bertumpuk. Algoritma Fuzzy C-Means dan modifikasi Watershed mampu melakukan segmentasi dengan baik.

Dari uji kinerja algoritma Fuzzy C-Means didapatkan rata-rata index ZSI sebesar 0.72 untuk citra Malignant dan 0.77 untuk citra Benignant. Adapun hasil pengujian pemisahan sel bertumpuk rata-rata akurasi tertinggi yang didapatkan yaitu 0.732 untuk citra Malignant dan 0.702 untuk citra Benignant.

Kata kunci :Citra Mikroskopis Sel Kanker Payudara, Fuzzy C-Means, Watershed, ZSI

Segmentation of Breast Cancer Cell on Microscopic Images Using Fuzzy C-Means and Modified Watershed

Nama Mahasiswa : LUBNA NUR A'INI
NRP : 5112100198
Jurusan : Teknik Informatika FTIF-ITS
Dosen Pembimbing 1 : Dr.Eng. Chastine Fatichah, S.Kom., M.Kom.
Dosen Pembimbing 2 : Dini Adni Navastara, S.Kom.,M.Sc.,

ABSTRACT

Breast cancer is a major problem in Indonesia and in other countries. Microscopic image of breast cancer cells have a few different characteristics such as color, shape, size, or texture that causes segmentation are difficult to do because of overlapping cells.

This final task implements Fuzzy C-Means Algorithm and Watershed modifications to separate the overlapping cells. Fuzzy C-Means Algorithm and Watershed modifications able to do segmentation well.

From the Fuzzy C-Means Algorithm performance test, the average of the ZSI index is 0.72 for Malignant image and 0.77 for Benignant image. For the testing results of the overlapping cell separation, average of the highest accuracy is 0.732 for Malignant image and 0.702 for Benignant image.

Keywords: Microscopic image of Breast Cancer Cells, Fuzzy C-Means, Watershed, ZSI

DAFTAR ISI

LEMBAR PENGESAHAN.....	v
ABSTRAK	vii
ABSTRACT	ix
KATA PENGANTAR.....	xi
DAFTAR ISI	xiii
DAFTAR GAMBAR	xvii
DAFTAR TABEL	xix
DAFTAR KODE SUMBER	xxiii
BAB I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang.....	1
1.2 Rumusan Masalah	3
1.3 Batasan Masalah.....	3
1.4 Tujuan.....	4
1.5 Manfaat.....	4
1.6 Metodologi	5
1.7 Sistematika Penulisan Laporan Tugas Akhir.....	7
BAB II TINJAUAN PUSTAKA.....	9
2.1 Kanker Payudara	9
2.2 Citra Digital	10
2.3 Citra Biner	10
2.4 Grayscale	11
2.5 Pengolahan Citra Digital	12
2.6 Segmentasi Citra.....	12
2.7 <i>Median filtering</i>	14
2.8 Metode Fuzzy C-Means	15
2.9 Metode <i>Watershed</i>	19
2.10 Modifikasi <i>Watershed</i>	22
2.11 Fitur Geometri	24
2.11.1 Eccentricity	24
2.11.2 Solidity.....	24
2.11.3 Area 25	
2.12 K-Means Clustering.....	25
BAB III ANALISIS DAN PERANCANGAN.....	27

3.1	Desain Metode Secara Umum	27
3.2	Perancangan Data	29
3.2.1	Data Masukan	29
3.2.2	Data Proses	30
3.2.3	Data Keluaran	32
3.3	Diagram Alir Sistem.....	32
3.3.1	Preproses.....	33
3.3.2	Proses Segmentasi	35
3.3.3	Proses Deteksi Sel Bertumpuk.....	37
3.3.4	Proses Pemisahan Sel Kanker Payudara Bertumpuk.....	40
3.4	Rancangan Antarmuka Aplikasi	42
BAB IV IMPLEMENTASI.....		45
4.1	Lingkungan Implementasi	45
4.1.1	Lingkungan Implementasi Perangkat Keras	45
4.1.2	Lingkungan Implementasi Perangkat Lunak	46
4.2	Implementasi Tahap Preproses.....	46
4.3	Implementasi Tahap Proses Segmentasi.....	47
4.3.1	Implementasi Proses Segmentasi dengan FCM.....	47
4.3.2	Implementasi Proses Hasil Segmentasi	49
4.4	Implementasi Tahap Proses Pemisahan Sel Bertumpuk.....	50
4.4.1	Implementasi Proses Deteksi Sel Bertumpuk	50
4.4.2	Implementasi Proses Pemisahan Sel.....	51
4.4.3	Implementasi Proses Modifikasi <i>Watershed</i>	53
4.5	Implementasi Proses <i>Clustering</i> K-Means	55
4.6	Implementasi Proses Evaluasi Segmentasi.....	56
BAB V UJI COBA DAN EVALUASI		59
5.1	Lingkungan Uji Coba	59
5.2	Data Uji Coba.....	60
5.3	Skenario Uji Coba	60
5.3.1	Uji Coba dan Evaluasi Skenario 1	61
5.3.2	Uji Coba dan Evaluasi Skenario 2	65
5.3.3	Uji Coba dan Evaluasi Skenario 3	74
5.3.4	Hasil Analisis dan Output Uji coba Proses Segmentasi	
111		
BAB VI KESIMPULAN DAN SARAN.....		115

6.1 Kesimpulan.....	115
6.2 Saran.....	116
DAFTAR PUSTAKA.....	117
LAMPIRAN.....	121
BIODATA PENULIS.....	135

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1 Contoh citra mikroskopis sel kanker payudara, (a) <i>Malignant</i> , (b) <i>Benignant</i> [6].....	10
Gambar 2.2 Contoh citra biner	11
Gambar 2.3 Contoh citra <i>grayscale</i>	11
Gambar 2.4 Contoh citra berwarna	12
Gambar 2.5 Contoh segmentasi: (a) Citra tanah asli; (b) Hasil segmentasi citra dengan <i>thresholding</i> . Piksel pada 0-50 dan 166-255 diidentifikasi putih, diantara 51-90 diidentifikasi hitam, antara 91-30 abu gelap, dan antara 131-165 abu terang; (c) Hasil deteksi tepi dengan operator Prewitt; (d) Hasil Segmentasi menggunakan metode <i>Watershed</i> berbasis <i>region</i> [14].....	13
Gambar 2.6 Contoh perhitungan <i>median filtering</i> [16]	15
Gambar 2.7 Diagram skema <i>Watershed</i> [19]	20
Gambar 2.8 (a)Citra asli, (b) Hasil segmentasi <i>Watershed</i> [21]..	22
Gambar 2.9 Konsep Penghilangan <i>Over-segmentation</i>	23
Gambar 3.1 Gambar data masukan citra asli dan citra <i>ground truth</i>	29
Gambar 3.2 Citra Asli Mikroskopis Sel Kanker Payudara,(b) Citra <i>Grayscale</i> ,(c) Citra hasil segmentasi.....	32
Gambar 3.3 Diagram alir proses segmentasi dan pemisahan sel bertumpuk.....	33
Gambar 3.4 Diagram alir preproses <i>median filtering</i>	34
Gambar 3.5 Pseudocode Algoritma <i>Fuzzy C-Means</i>	36
Gambar 3.6 Diagram alir proses <i>Fuzzy C-Means</i>	37
Gambar 3.7 Gambar diagram alir deteksi sel bertumpuk	38
Gambar 3.8 Diagram alir deteksi morfologi sel bertumpuk	39
Gambar 3.9 (a) Contoh pemisahan sel tunggal, (b) Contoh pemisah sel bertumpuk dengan <i>Watershed</i>	39
Gambar 3.10 Diagram alir proses pemisahan sel bertumpuk	40
Gambar 3.11 Contoh gambar hasil modifikasi <i>Watershed</i>	42
Gambar 3.12 Tampilan antar muka aplikasi sebelum dijalankan	43
Gambar 3.13 Tampilan antar muka aplikasi setelah dijalankan..	43

Gambar 5.1 Contoh citra mikroskopis sel kanker payudara 1, (a) Citra hasil segmentasi, (b) Citra asli	61
Gambar 5.2 Contoh citra mikroskopis sel kanker payudara 2, (a) Citra hasil segmentasi, (b) Citra asli	62
Gambar 5.3 Hasil segmentasi FCM citra <i>Malignant</i> akurasi tinggi, (a) Citra Asli, (b) Citra <i>ground truth</i> , (c) Citra hasil segmentasi .	70
Gambar 5.4 Hasil segmentasi FCM citra <i>Malignant</i> akurasi rendah, (a) Citra Asli, (b) Citra <i>ground truth</i> , (c) Citra hasil segmentasi .	70
Gambar 5.5 Hasil segmentasi FCM citra <i>Benignant</i> akurasi rendah, (a) Citra Asli, (b) Citra <i>ground truth</i> , (c) Citra hasil segmentasi .	73
Gambar 5.6 Hasil segmentasi FCM citra <i>Benignant</i> akurasi tinggi, (a) Citra Asli, (b) Citra <i>ground truth</i> , (c) Citra hasil segmentasi .	73
Gambar 5.7 Grafik rata-rata hasil akurasi modifikasi <i>Watershed</i>	110
Gambar 5.8 a. Gambar Citra Asli (50), b. Gambar Citra Segmentasi FCM (50).....	111
Gambar 5.9 a. Gambar Citra Watershed (50), b. Gambar Citra Modifikasi Watershed (50).....	111
Gambar 5.10 a. Gambar Citra Asli (11), b. Gambar Citra Segmentasi FCM (11)	112
Gambar 5.11 a. Gambar Citra Watershed (11), b. Gambar Citra Modifikasi Watershed (11).....	112
Gambar 5.12 a. Gambar Citra Asli (5), b. Gambar Citra Segmentasi FCM (5).....	113
Gambar 5.13 a. Gambar Citra Watershed (5), b. Gambar Citra Modifikasi Watershed (5).....	113

DAFTAR TABEL

Tabel 3.1 Data Proses Dalam Sistem Pada Proses Segmentasi ...	30
Tabel 3.2 Data Proses Dalam Sistem Pada Proses Modifikasi....	31
Tabel 4.1 <i>Confusion Matrix</i>	57
Tabel 5.1 Spesifikasi lingkungan uji coba.....	59
Tabel 5.2 Hasil Parameter Morfologi Gambar 1	62
Tabel 5.3 Hasil Parameter Morfologi Gambar 1 (lanjutan)	63
Tabel 5.4 Hasil Parameter Morfologi Gambar 2	63
Tabel 5.5 Hasil Parameter Morfologi Gambar 2 (lanjutan)	64
Tabel 5.6 Hasil Segmentasi FCM Kelompok Citra <i>Malignant</i> ...	66
Tabel 5.7 Pengujian Segmentasi FCM Citra <i>Malignant</i>	67
Tabel 5.8 Hasil Segmentasi FCM Citra <i>Benignant</i>	69
Tabel 5.9 Pengujian Segmentasi FCM Citra <i>Benignant</i>	71
Tabel 5.10 Hasil Pengujian Citra <i>Malignant Threshold</i> 24.....	75
Tabel 5.11 Hasil Pengujian Citra <i>Malignant Threshold</i> 28.....	76
Tabel 5.12 Hasil Pengujian Citra <i>Malignant Threshold</i> 32.....	77
Tabel 5.13 Hasil Pengujian Citra <i>Malignant Threshold</i> 36.....	78
Tabel 5.14 Hasil Pengujian Citra <i>Malignant Threshold</i> 40.....	79
Tabel 5.15 Hasil Pengujian Citra <i>Malignant Threshold</i> 44.....	80
Tabel 5.16 Hasil Pengujian Citra <i>Malignant Threshold</i> 48.....	81
Tabel 5.17 Hasil Pengujian Citra <i>Malignant Threshold</i> 52.....	82
Tabel 5.18 Hasil Pengujian Citra <i>Malignant Threshold</i> 56.....	83
Tabel 5.19 Hasil Pengujian Citra <i>Malignant Threshold</i> 60.....	84
Tabel 5.20 Hasil Pengujian Citra <i>Malignant Threshold</i> 65.....	85
Tabel 5.21 Hasil Pengujian Citra <i>Malignant Threshold</i> 70.....	86
Tabel 5.22 Hasil Pengujian Citra <i>Malignant Threshold</i> 70.....	87
Tabel 5.23 Hasil Pengujian Citra <i>Malignant Threshold</i> 80.....	88
Tabel 5.24 Hasil Pengujian Citra <i>Malignant Threshold</i> 85.....	89
Tabel 5.25 Hasil Pengujian Citra <i>Malignant Threshold</i> 90.....	90
Tabel 5.26 Hasil Pengujian Citra <i>Benignant Threshold</i> 24	91
Tabel 5.27 Hasil Pengujian Citra <i>Benignant Threshold</i> 28	92
Tabel 5.28 Hasil Pengujian Citra <i>Benignant Threshold</i> 32	93
Tabel 5.29 Hasil Pengujian Citra <i>Benignant Threshold</i> 36	94
Tabel 5.30 Hasil Pengujian Citra <i>Benignant Threshold</i> 40	95

Tabel 5.31 Hasil Pengujian Citra <i>Benignant Threshold</i> 44	96
Tabel 5.32 Hasil Pengujian Citra <i>Benignant Threshold</i> 48	97
Tabel 5.33 Hasil Pengujian Citra <i>Benignant Threshold</i> 52	98
Tabel 5.34 Hasil Pengujian Citra <i>Benignant Threshold</i> 56	99
Tabel 5.35 Hasil Pengujian Citra <i>Benignant Threshold</i> 60	100
Tabel 5.36 Hasil Pengujian Citra <i>Benignant Threshold</i> 65	101
Tabel 5.37 Hasil Pengujian Citra <i>Benignant Threshold</i> 70	102
Tabel 5.38 Hasil Pengujian Citra <i>Benignant Threshold</i> 75	103
Tabel 5.39 Hasil Pengujian Citra <i>Benignant Threshold</i> 80	104
Tabel 5.40 Hasil Pengujian Citra <i>Benignant Threshold</i> 85	105
Tabel 5.41 Hasil Pengujian Citra <i>Benignant Threshold</i> 90	106
Tabel 5.42 Hasil Rata-rata Akurasi Modifikasi <i>Watershed</i>	107
Tabel 5.43 Hasil Pengujian <i>Watershed</i> Citra <i>Benignant</i>	108
Tabel 5.44 Hasil Pengujian <i>Watershed</i> Citra <i>Malignant</i>	109
Tabel 5.45 Hasil Akurasi <i>Watershed</i> Sebelum Modifikasi	114
Tabel 5.46 Hasil Akurasi Setelah Modifikasi <i>Watershed</i> dan <i>Cluster</i>	114
Tabel 8.1 Rekap Hasil Percobaan Segmentasi FCM <i>Malignant</i>	121
Tabel 8.2 Rekap Hasil Percobaan Segmentasi FCM <i>Malignant</i> (lanjutan)	122
Tabel 8.3 Rekap Hasil Percobaan Segmentasi FCM <i>Malignant</i> (lanjutan)	123
Tabel 8.4 Rekap Hasil Percobaan Segmentasi <i>Malignant</i> (lanjutan)	124
Tabel 8.5 Rekap Hasil Percobaan Segmentasi <i>Benignant</i>	125
Tabel 8.6 Rekap Hasil Percobaan Segmentasi <i>Benignant</i> (lanjutan)	126
Tabel 8.7 Rekap Hasil Percobaan Segmentasi <i>Benignant</i> (lanjutan)	127
Tabel 8.8 Rekap Hasil Percobaan Segmentasi <i>Benignant</i> (lanjutan)	128
Tabel 8.9 Rekap Hasil Modifikasi <i>Watershed Benignant</i>	129
Tabel 8.10 Rekap Hasil Modifikasi <i>Watershed Benignant</i> (lanjutan)	130

Tabel 8.11 Rekap Hasil Modifikasi Watershed Benignanat (lanjutan)	131
Tabel 8.12 Rekap Hasil Modifikasi Watershed Malignant	132

DAFTAR KODE SUMBER

Kode Sumber 4.1 Preproses <i>median filtering</i>	46
Kode Sumber 4.2 Proses segmentasi <i>Fuzzy C-Means</i>	48
Kode Sumber 4.3 Proses segmentasi <i>Fuzzy C-Means</i> (lanjutan)	49
Kode Sumber 4.4 Menampilkan hasil segmentasi	49
Kode Sumber 4.5 Penghilangan <i>small noise</i>	50
Kode Sumber 4.6 Deteksi sel bertumpuk	51
Kode Sumber 4.7 Fungsi <i>Watershed</i>	52
Kode Sumber 4.8 Menampilkan koordinat <i>centroid</i>	53
Kode Sumber 4.9 Menyimpan Koordinat	53
Kode Sumber 4.10 Modifikasi <i>Watershed</i>	54
Kode Sumber 4.11 Tahapan <i>Clustering K-Means</i>	55
Kode Sumber 4.12 Tahapan evaluasi kerja sistem	56

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Sel kanker merupakan suatu penyakit yang disebabkan oleh terganggunya kontrol regulasi pertumbuhan sel-sel normal [1]. Sebagai bukti dari terganggunya kontrol regulasi sel-selnya, kanker memiliki perbedaan yang mencolok dibandingkan dengan sel-sel normal dalam tubuh kita. Kanker berkembang melalui serangkaian proses yang disebut *karsinogenesis*. Jadi kanker tidak serta-merta muncul begitu saja dalam tubuh melainkan melalui proses yang cukup panjang.

Kanker Payudara merupakan masalah besar di Indonesia maupun negara lain. Jumlah kasus baru di Amerika Serikat pada tahun 2003 mencapai 211.300 orang dan 39.800 pasien meninggal akibat kanker payudara pada tahun yang sama. Di Indonesia kanker payudara terus meningkat selama 4 tahun dengan kejadian 5.297 kasus di tahun 2004, 7850 kasus di tahun 2005, 8.328 kasus di tahun 2006, dan 8.277 kasus di tahun 2007 [2]. Selain itu, kanker payudara (*Carcinoma mammae*) didefinisikan sebagai suatu penyakit *neoplasma* yang ganas yang berasal dari *parenchyma*. Penyakit ini oleh World Health Organization (WHO) dimasukkan ke dalam International Classification of Diseases (ICD) dengan kode nomor 17 [3]. Umumnya gejala klinis pada kanker payudara dapat berupa benjolan yang tidak nyeri pada payudara. Benjolan itu mula-mula kecil, semakin lama akan semakin besar, lalu melekat pada kulit atau menimbulkan perubahan pada kulit payudara atau pada puting susu.

Untuk dapat memperoleh informasi terkait kebutuhan diagnosis dan terapi bagi pasien kanker, ahli medis perlu melakukan analisis data sel kanker pada tubuh pasien. Dalam hal ini, data sel kanker berupa citra mikroskopis yang diambil dari organ tubuh pasien dengan menggunakan kamera khusus. Dengan berkembang pesatnya teknologi pengolahan citra, teknik otomatis untuk segmentasi citra sel kanker payudara menjadi bidang

penelitian yang dibutuhkan dalam analisis citra biomedik. Sebelum melakukan diagnosis, tahap segmentasi perlu dilakukan terlebih dahulu. Sebagai salah satu tahap dalam pengolahan citra, segmentasi merupakan cara yang efektif dan efisien untuk mengamati pertumbuhan sel. Kebutuhan tersebut mendorong para peneliti untuk mengembangkan metode segmentasi yang mampu memisahkan sel kanker payudara dengan sel-sel lain pada citra mikroskopis [4].

Beberapa tahun terakhir telah dilakukan penelitian mengenai citra sel kanker payudara agar dapat di segmentasi dengan mendapatkan hasil akurasi yang terbaik, contohnya seperti segmentasi menggunakan metode *hybridregion-based active countour* dan *bayesian* digunakan dalam pemisahan sel bertumpuk [4]. Pada penggunaan metode ini peneliti telah berhasil melakukan segmentasi citra sel mikroskopis payudara dan menghasilkan hasil yang lebih baik dibandingkan dengan metode *Otsu*. Namun dalam proses pemisahan sel kanker yang bertumpuk dengan menggunakan *bayesian* peneliti belum menghasilkan hasil yang terlalu bagus. Metode tersebut belum terlalu bagus untuk citra sel dengan keberagaman karakteristik seperti citra sel kanker payudara. Segmentasi menggunakan teknik pendekatan *multi-level thresholding and data fusion* untuk mendapatkan hasil akurasi segmentasi yang lebih akurat dengan membagi 2 langkah proses segmentasi [5]. Pada langkah pertama, mengidentifikasi puncak yang paling signifikan pada histogram. Langkah kedua, melakukan penggabungan beberapa gambar yang direpresentasikan dalam perbedaan *color space*.

Banyak metode yang sudah dilakukan untuk melakukan segmentasi citra sel mikroskopis kanker payudara. Namun kebanyakan metode yang digunakan sukar dalam proses pemisahan sel yang bertumpuk karena kompleksitas dari bentuk, ukuran, dan warna sel kanker yang sulit untuk diidentifikasi. Sehingga seringkali hasil yang diinginkan kurang memuaskan.

Pada Tugas Akhir kali ini, penulis akan melakukan segmentasi pada citra sel mikroskopis kanker payudara yang dapat

diunduh melalui *website* www.bioimage.ucsb.edu [6]. Dataset ini kemudian dilakukan preproses menggunakan *median filtering*. Sebuah metode segmentasi yang akan digunakan oleh penulis dalam proses pemisahan objek dengan *background* pada citra mikroskopis sel kanker payudara ialah *Fuzzy C-Means*. *Fuzzy C-Means* merupakan suatu teknik pengelompokan data, membiarkan semua data menjadi suatu kelompok dari beberapa kelompok yang dibentuk dengan perbedaan derajat keanggotaan [7]. Hasil citra segmentasi dilakukan proses pemisahan sel bertumpuk menggunakan metode *Watershed*. Konsep dasar dari metode *Watershed* ini adalah mencari garis *Watershed* [8]. Namun, seringkali metode *Watershed* ini mengalami *oversegment* sehingga akan digunakan modifikasi dalam menyelesaikan permasalahan *oversegment* menggunakan suatu perhitungan jarak antar dua *centroid*. Dengan penggunaan metode tersebut diharapkan mendapatkan hasil yang lebih baik dan akurat.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah yang diangkat dalam Tugas Akhir ini dapat dipaparkan sebagai berikut:

1. Bagaimana melakukan proses segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara menggunakan metode *Fuzzy C-Means* ?
2. Bagaimana melakukan proses pemisahan sel citra mikroskopis kanker payudara menggunakan *Watershed* yang dimodifikasi ?
3. Bagaimana mengevaluasi kinerja sistem hasil segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara menggunakan *Fuzzy C-Means* dan *Watershed* yang dimodifikasi ?

1.3 Batasan Masalah

Permasalahan yang dibahas dalam Tugas Akhir ini memiliki beberapa batasan, yaitu sebagai berikut:

1. Dataset yang digunakan dataset yang diunduh melalui *website* www.bioimage.ucsb.edu.
2. Metode preproses yang digunakan adalah *median filtering*.
3. Data akan dikelompokkan menjadi dua kelompok yang menyatakan objek dan background dalam proses segmentasi menggunakan metode *Fuzzy C-Means*.
4. Pada segmentasi metode *Fuzzy C-Means* menggunakan *threshold* $e = 0.00005$.
5. Pada segmentasi metode *Fuzzy C-Means* menggunakan *cluster* sebanyak 2, yaitu kelompok *background* dan objek.
6. Proses pemisahan sel bertumpuk menggunakan *Watershed* yang kemudian dilakukan modifikasi setelah metode *Watershed* dilakukan.
7. Pembangunan perangkat lunak menggunakan Matlab R2015a.

1.4 Tujuan

Tujuan dari Tugas Akhir ini adalah untuk mengimplementasikan metode *Fuzzy C-Means* dalam melakukan proses segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara. Melakukan proses pemisahan sel bertumpuk menggunakan *Watershed* yang dimodifikasi.

1.5 Manfaat

Dengan dibuatnya Tugas Akhir ini maka diharapkan dapat memberi manfaat pada bidang informatika khususnya *biomedical image* dalam membantu meningkatkan keakuratan hasil segmentasi sel kanker payudara dan pemisahan sel kanker yang bertumpuk pada citra mikroskopis.

1.6 Metodologi

Tahapan-tahapan yang dilakukan dalam pengerjaan Tugas Akhir ini adalah sebagai berikut:

1. Penyusunan buku tugas akhir

Buku tugas akhir ini berisi deskripsi pendahuluan dari tugas akhir yang akan dibuat. Pendahuluan ini terdiri atas hal yang menjadi latar belakang diajukannya usulan tugas akhir, rumusan masalah yang diangkat, batasan masalah untuk tugas akhir, dan manfaat dari hasil pembuatan tugas akhir. Selain itu dijabarkan pula tinjauan pula tinjauan pustaka yang digunakan sebagai referensi pendukung pembuatan tugas akhir. Subbab metodologi berisi penjelasan mengenai tahapan penyusunan tugas akhir mulai dari penyusunan hingga penyusunan buku tugas akhir. Terdapat pula subbab jadwal kegiatan yang menjelaskan jadwal pengerjaan tugas akhir.

2. Studi Literatur

Pada studi literatur ini akan dipelajari sejumlah referensi yang diperlukan dalam pembuatan aplikasi, yaitu mengenai segmentasi citra, tahap preproses, *Fuzzy C-Means* dan metode *Watershed*.

3. Analisis dan desain perangkat lunak

Fitur yang terdapt pada aplikasi segmentasi sel kanker payudara ini adalah :

- a. Menampilkan input citra mikroskopis sel kanker payudara yang dimasukkan pengguna.
- b. Menampilkan citra hasil preproses.
- c. Menampilkan citra hasil segmentasi.

- d. Menampilkan citra hasil segmentasi dan dibandingkan dengan citra asli dan *ground truth*.
4. Implementasi perangkat lunak

Implementasi merupakan tahap membangun rancangan program yang telah dibuat. Pada tahapan ini merealisasikan apa yang terdapat pada tahapan sebelumnya, sehingga menjadi sebuah program yang sesuai dengan apa yang telah direncanakan.

Aplikasi ini dibangun menggunakan perangkat lunak Matlab R2015a. Pengguna memasukan input berupa citra mikroskopis sel kanker payudara, selanjutnya aplikasi akan melakukan preproses dan segmentasi untuk menghasilkan output berupa citra sel kanker payudara yang telah disegmentasi.
5. Pengujian dan evaluasi

Proses pengujian perangkat lunak menggunakan input citra mikroskopis sel kanker payudara. Apabila pengguna memasukan citra mikroskopis sel kanker payudara maka akan memberikan hasil segmentasi. Setelah dilakukan pengujian, perangkat lunak ini akan dievaluasi dalam perhitungan nilai akurasi, sensitifitas, dan spesitifitas pada citra hasil segmentasi dengan membandingkan hasil segmentasi citra uji coba pada citra asli.
6. Penyusunan buku tugas akhir

Pada tahap ini dilakukan penyusunan laporan yang menjelaskan dasar teori dan metode yang digunakan dalam Tugas Akhir ini serta hasil dari implementasi aplikasi perangkat lunak yang telah dibuat.

1.7 Sistematika Penulisan Laporan Tugas Akhir

Buku tugas akhir ini merupakan laporan secara lengkap mengenai tugas akhir yang telah dikerjakan baik dari sisi teori, rancangan, maupun implementasi sehingga memudahkan bagi pembaca dan juga pihak yang ingin mengembangkan lebih lanjut. Sistematika penulisan buku tugas akhir secara garis besar antara lain:

Bab I Pendahuluan

Bab ini berisi mengenai latar belakang, tujuan, dan manfaat dari pembuatan tugas akhir. Selain itu, rumusan permasalahan, batasan masalah, metodologi yang digunakan, dan sistematika penulisan juga merupakan bagian dari bab ini.

Bab II Tinjauan Pustaka

Bab ini berisi penjelasan secara detail mengenai dasar-dasar penunjang dan teori-teori yang digunakan untuk mendukung pembuatan tugas akhir ini.

Bab III Analisis dan Perancangan

Bab ini berisi tentang desain sistem yang disajikan dalam bentuk diagram alir tahapan dalam pengerjaan. Serta disajikan dalam bentuk *pseudocode*.

Bab IV Implementasi

Bab ini membahas implementasi dari desain yang telah dibuat pada bab sebelumnya. Penjelasan berupa *code* yang digunakan dalam implementasi.

Bab V Pengujian Dan Evaluasi

Bab ini menjelaskan kemampuan perangkat lunak dengan melakukan pengujian kebenaran dan pengujian kinerja dari sistem yang telah dibuat.

Bab VI Kesimpulan Dan Saran

Bab ini merupakan bab terakhir yang menyampaikan kesimpulan dari hasil uji coba yang dilakukan dan saran untuk pengembangan perangkat lunak ke depannya.

BAB II

TINJAUAN PUSTAKA

Dalam bab ini akan dijelaskan mengenai teori-teori yang berkaitan dengan algoritma pengimplementasian program. Selain itu terdapat penjelasan yang menunjang pengerjaan Tugas Akhir ini sehingga dapat memberikan gambaran secara umum terhadap program yang dibuat dan berguna sebagai penunjang.

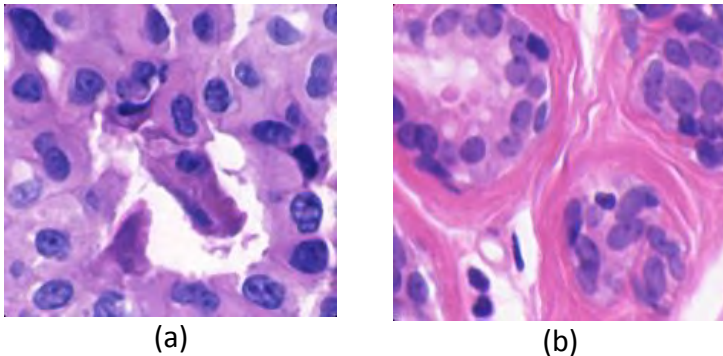
2.1 Kanker Payudara

Kanker payudara adalah suatu penyakit dimana pertumbuhan berlebihan atau perkembangan tidak terkontrol dari sel-sel jaringan payudara. Kanker payudara merupakan jenis kanker yang sering ditemukan oleh kebanyakan wanita. Pertumbuhan sel yang abnormal pada jaringan payudara seseorang disebut sebagai sel kanker. Payudara wanita terdiri dari *lobulus* (kelenjar susu), *duktus* (saluran susu), lemak dan jaringan ikat, pembuluh darah dan *limfe*. Sebagian besar kanker payudara bermula pada sel-sel yang melapisi duktus (kanker duktal), beberapa bermula di *lobulus* (kanker lobular), sebagian kecil bermula di jaringan lain [9].

Berdasarkan WHO *Histological Classification of Breast Tumor*, kanker payudara diklasifikasikan yaitu non-invasif karsinoma dan invasif karsinoma [10]. Adapun gejala-gejala kanker payudara antara lain sebagai berikut :

- Benjolan pada payudara
- Erosi atau eksema puting susu
- Keluarnya cairan (*nipple discharge*)

Pada tugas akhir digunakan dataset berupa citra mikroskopis sel kanker payudara. Citra mikroskopis sel kanker payudara yang digunakan dalam tugas akhir ini memiliki dua tipe yaitu *Malignant* dan *Benignant*. Adapun citra mikroskopis sel kanker payudara *Malignant* dan *Benignant* dapat dilihat pada Gambar 2.1.



Gambar 2.1 Contoh citra mikroskopis sel kanker payudara, (a) *Malignant*, (b) *Benignant* [6]

2.2 Citra Digital

Citra digital adalah gambar dua dimensi yang dapat ditampilkan pada layar monitor komputer sebagai himpunan berhingga (diskrit) nilai digital yang disebut piksel (*picture elements*) [11]. Piksel adalah elemen citra yang memiliki nilai yang menunjukkan intensitas warna. Banyaknya nilai yang dapat digunakan dalam kuantisasi citra bergantung kepada kedalaman piksel, yaitu banyaknya bit yang digunakan untuk merepresentasikan intensitas warna piksel. Kedalaman piksel sering disebut juga kedalaman warna. Citra digital yang memiliki kedalaman piksel n -bit disebut juga citra n -bit. Berdasarkan warna-warna penyusunnya, citra digital dapat dibagi menjadi tiga macam yaitu citra biner, citra *grayscale* dan citra berwarna.

2.3 Citra Biner

Citra biner, yaitu citra yang hanya terdiri atas dua warna, yaitu hitam dan putih. Oleh karena itu, setiap piksel pada citra biner cukup direpresentasikan dengan 1 bit. Citra biner hanya

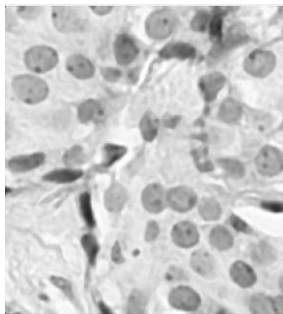
mempunyai dua nilai derajat keabuan yaitu hitam dan putih [12]. Contoh citra biner dapat dilihat pada Gambar 2.2.



Gambar 2.2 Contoh citra biner

2.4 Grayscale

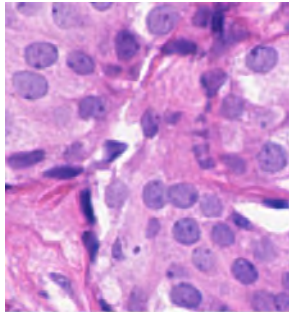
Citra *grayscale*, yaitu citra yang nilai pikselnya merepresentasikan derajat keabuan. Nilai intensitas paling rendah merepresentasikan warna hitam dan nilai intensitas paling tinggi merepresentasikan warna putih. Pada umumnya citra *grayscale* memiliki kedalaman piksel 8 bit (256 derajat keabuan), tetapi ada juga citra *grayscale* yang kedalaman pikselnya bukan 8 bit, misalnya 16 bit untuk penggunaan yang memerlukan ketelitian tinggi [12]. Citra *grayscale* dapat dilihat pada Gambar 2.3.



Gambar 2.3 Contoh citra *grayscale*

Citra berwarna, yaitu citra yang nilai pikselnya merepresentasikan warna tertentu. Banyaknya warna yang mungkin digunakan bergantung kepada kedalaman piksel citra

yang bersangkutan. Intensitas suatu citra berwarna merupakan kombinasi dari tiga intensitas yaitu merah, hijau, dan biru [12]. Gambar 2.4 berikut merupakan contoh citra berwarna.



Gambar 2.4 Contoh citra berwarna

2.5 Pengolahan Citra Digital

Pengolahan citra merupakan proses mengolah piksel-piksel di dalam citra digital untuk tujuan tertentu . Pada awalnya pengolahan citra dilakukan untuk memperbaiki kualitas citra, namun dengan berkembangnya dunia komputasi yang ditandai dengan semakin meningkatnya kapasitas dan kecepatan proses komputer serta munculnya ilmu-ilmu komputasi yang memungkinkan manusia dapat mengambil informasi dari suatu citra, maka *image processing* tidak dapat dilepaskan dengan bidang *computer vision* [13].

2.6 Segmentasi Citra

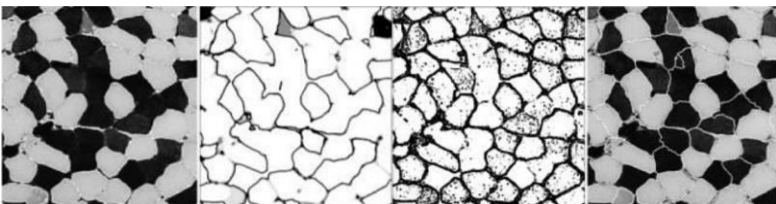
Segmentasi citra adalah proses membagi citra ke dalam area-area atau kategori, yang mewakili objek yang berbeda atau bagian dari objek. Setiap piksel pada citra dialokasikan ke dalam satu kategori. Segmentasi yang baik adalah dimana piksel-piksel pada kategori yang sama mempunyai kemiripan tingkat keabuan dan membentuk area terhubung, tetangga piksel yang berbeda kategori memiliki nilai yang tidak mirip.

Segmentasi citra merupakan langkah yang penting dalam analisis citra dan pengenalan pola. Secara umum, ada tiga metode umum yang sering digunakan dalam segmentasi, yaitu dengan metode *thresholding*, metode berbasis tepi, dan metode berbasis region.

Metode *thresholding* didasarkan pada pemisahan piksel ke dalam kelas yang berbeda tergantung pada tingkat keabuan masing-masing piksel. Metode *thresholding* tidak bisa diterapkan untuk citra dengan tingkat keabuan yang berdekatan sehingga biasanya dikombinasikan dengan metode lain.

Pada metode berbasis tepi, tepi adalah perubahan nilai intensitas derajat keabuan yang mendadak (besar) dalam jarak yang singkat. Perbedaan intensitas inilah yang memperlihatkan rincian pada gambar. Tepi dapat diorientasikan dengan suatu arah, dan arah ini berbeda-beda, tergantung pada perubahan intensitas. Penggunaan metode deteksi yang tidak tepat, akan menghasilkan pendeteksian yang gagal. Pendeteksian tepi merupakan tahapan untuk melingkupi informasi di dalam citra.

Metode berbasis region seperti menggabungkan *thresholding* dengan kondisi konektivitas atau kriteria daerah homogenitas. Keberhasilan dari metode tersebut bergantung pada kepresisian informasi anatomi untuk meletakkan baik satu maupun beberapa piksel untuk masing-masing daerah homogen. Kelemahan lain dari metode ini adalah metode tersebut hanya dapat bekerja dengan baik pada daerah yang homogen dan membutuhkan operator untuk menentukan daerah yang akan disegmentasi [14].



Gambar 2.5 Contoh segmentasi: (a) Citra tanah asli; (b) Hasil segmentasi citra dengan *thresholding*. Piksel pada 0-50 dan

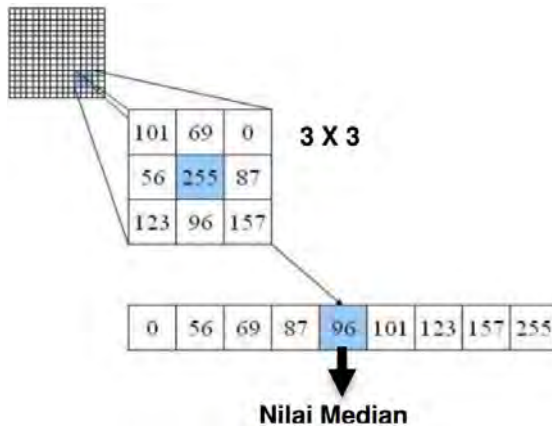
166-255 diidentifikasi putih, diantara 51-90 diidentifikasi hitam, antara 91-30 abu gelap, dan antara 131-165 abu terang; (c) Hasil deteksi tepi dengan operator Prewitt; (d) Hasil Segmentasi menggunakan metode *Watershed* berbasis *region* [14]

2.7 *Median filtering*

Metode *median filtering* merupakan filter *non-linear* yang dikembangkan Tukey, yang berfungsi untuk menghaluskan dan mengurangi noise atau gangguan pada citra. Dikatakan *non-linear* karena cara kerja penapis ini tidak termasuk kedalam kategori operasi konvolusi. Operasi *non-linear* dihitung dengan mengurutkan nilai intensitas sekelompok pixel, kemudian menggantikan nilai pixel yang diproses dengan nilai tertentu. Pada *median filtering* suatu window atau penapis yang memuat sejumlah pixel ganjil digeser titik per titik pada seluruh daerah citra. Nilai-nilai yang berada pada window diurutkan secara ascending untuk kemudian dihitung nilai mediannya. Nilai tersebut akan menggantikan nilai yang berada pada pusat bidang window. Jika suatu window ditempatkan pada suatu bidang citra, maka nilai pixel pada pusat bidang window dapat dihitung dengan mencari nilai median dari nilai intensitas sekelompok pixel yang telah diurutkan. Secara matematis dapat dirumuskan sebagai berikut:

$$g(x, y) = \text{Median}\{f(x - i, y - j), (i, j) \in w\} \quad (2.1)$$

dimana $g(x, y)$ merupakan citra yang dihasilkan dari citra $f(x, y)$ dengan w sebagai window yang ditempatkan pada bidang citra dan (i, j) elemen dari window tersebut [15].



Gambar 2.6 Contoh perhitungan *median filtering* [16]

2.8 Metode Fuzzy C-Means

Fuzzy C-Means (FCM) adalah suatu teknik pengelompokan data dimana keberadaan tiap-tiap data dalam suatu kelompok ditentukan oleh nilai keanggotaan. Teknik ini pertama kali diperkenalkan oleh Jim Bezdek pada tahun 1981. Konsep dasar FCM, menentukan pusat kelompok yang akan menandai lokasi rata-rata untuk tiap-tiap kelompok [17].

Pada kondisi awal, pusat pengelompokan ini masih belum akurat. Tiap-tiap data memiliki derajat keanggotaan untuk tiap-tiap kelompok. Dengan cara memperbaiki pusat kelompok dan nilai keanggotaan tiap-tiap data secara berulang, maka akan dapat dilihat bahwa pusat kelompok akan bergerak menuju lokasi yang tepat. Perulangan ini didasarkan pada minimasi fungsi obyektif [18].

Fungsi obyektif yang digunakan FCM adalah:

$$J(U, V; X) = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c (\mu_{ik})^w (d_{ik})^2 \quad (2.2)$$

dengan $w \in [1, \infty]$,

X adalah data yang *dichuster* :

$$X = \begin{bmatrix} x_{11} & \cdots & x_{1m} \\ \vdots & & \vdots \\ x_{n1} & \cdots & x_{nm} \end{bmatrix}$$

m = atribut tiap data

n = jumlah sampel data

dan V adalah matriks pusat *cluster* :

$$V = \begin{bmatrix} v_{11} & \cdots & v_{1m} \\ \vdots & & \vdots \\ v_{c1} & \cdots & v_{cm} \end{bmatrix}$$

Nilai J_w terkecil adalah yang terbaik, sehingga :

$$J_w^*(U^*, V^*; X) = \min J(U, V, X) \quad (2.3)$$

Algoritma FCM dijelaskan sebagai berikut:

1. Tentukan:
 - a. Matriks X berukuran $n \times m$, dengan n = jumlah data yang akan *dichuster*, dan m = jumlah variabel (kriteria).
 - b. Jumlah *cluster* yang akan dibentuk = C (≥ 2).
 - c. Pangkat (pembobot) = w (> 1).
 - d. Maksimum iterasi (max n).
 - e. Kriteria penghentian (ε = nilai positif yang sangat kecil).

2. Bentuk matriks partisi awal U^0 (derajat keanggotaan dalam *cluster*); matriks partisi awal biasanya dibuat secara acak.

$$U = \begin{bmatrix} \mu_{11}(x_1) & \mu_{12}(x_2) & \cdots & \mu_{1n}(x_n) \\ \mu_{21}(x_1) & \mu_{22}(x_2) & \cdots & \mu_{2n}(x_n) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \mu_{c1}(x_1) & \mu_{c2}(x_2) & \cdots & \mu_{cn}(x_n) \end{bmatrix}$$

dimana matriks partisi awal dipilih secara acak. μ_{cn} adalah nilai dari sebuah matriks berdasarkan baris dan kolom, begitu juga terhadap x .

3. Hitung pusat *cluster* V untuk setiap *cluster*

$$V_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^n (\mu_{ik})^w \cdot x_{kj}}{\sum_{k=1}^n (\mu_{ik})^w} \quad (2.4)$$

V_{ij} = pusat *cluster* pada *cluster* ke- i dan atribut ke- j .

μ_{ik} = data partisi (pada matriks U) pada *cluster* ke- i dan data ke- k .

x_{kj} = data (pada matriks U) pada atribut ke- j dan data ke- k .

w = pembobot.

4. Hitung nilai objektif (P_n) dengan rumus :

$$P_n = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c (\mu_{ik})^w (d_{ik})^2 \quad (2.5)$$

μ_{ik} = data partisi (pada matriks U) pada *cluster* ke- i dan data ke- k .

d_{ik} = fungsi ukuran jarak untuk jarak Euclidean pada pusat *cluster* ke- i dan data ke- k .

w = pembobot.

P_n = nilai objektif pada iterasi ke- n .

5. Perbaiki derajat keanggotaan setiap data pada setiap *cluster* (perbaiki matriks partisi)

$$\mu_{ik} = \left[\sum_{j=1}^c \left(\frac{d_{ik}}{d_{jk}} \right)^{\frac{2}{(w-1)}} \right]^{-1} \quad (2.6)$$

dengan

$$d_{ik} = d(x_k - v_i) = \left[\sum_{j=1}^m (x_{kj} - v_{ij})^2 \right]^{\frac{1}{2}} \quad (2.7)$$

dimana i ($i = 1, 2, \dots, c$) variabel ke- k ($j=1, 2, \dots, n$).

Kemudian, $w \in [1, \infty$

μ_{ik} = data partisi (pada matriks U) pada pusat *cluster* ke- i dan data ke- k .

d_{ik} = fungsi ukuran jarak untuk jarak Euclidean pada pusat *cluster* ke- i dan data ke- k .

d_{jk} = fungsi ukuran jarak untuk jarak Euclidean pada pusat *cluster* ke- j dan data ke- k .

w = pembobot.

X_{kj} = data (pada matriks U) pada atribut ke- j dan data ke- k .

6. Tentukan kriteria penghentian iterasi, yaitu perubahan matriks partisi pada iterasi sekarang dan iterasi sebelumnya.

$$\Delta = \|U^t - U^{t-1}\| \quad (2.8)$$

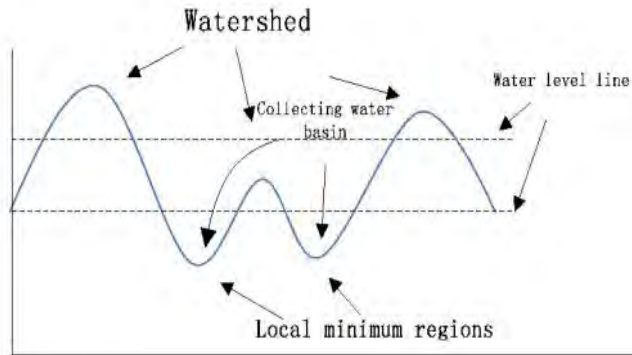
Apabila $\Delta < \varepsilon$ maka iterasi dihentikan, namun apabila tidak. Maka elemen dinaikan iterasi $t = t+1$ dan kembali ke langkah 3. Dimana t adalah jumlah iterasi dari algoritma. Menghentikan iterasi jika pusat *cluster* V tidak berubah. Alternatif kriteria penghentian adalah jika perubahan nilai *error* kurang dari *threshold* $|P_n - P_{n-1}| < \varepsilon$. Alternatif adalah ketika perulangan melebihi maksimum iterasi ($n > \max n$). Jika iterasi belum berhenti, kembali ke langkah 4.

7. Jika iterasi berhenti, ditentukan *cluster* dari tiap-tiap data. *Cluster* dipilih berdasarkan nilai matriks partisi terbesar. *Output* dari FCM bukan merupakan *Fuzzy inference system*, melainkan deretan pusat *cluster* dan beberapa derajat keanggotaan untuk setiap titik data. Informasi ini dapat digunakan untuk membangun suatu *fuzzy inference system*.

2.9 Metode *Watershed*

Watershed merupakan salah satu metode yang digunakan untuk segmentasi sebuah gambar, seperti pada Gambar 2.8. Konsep yang terdapat pada *Watershed* ini memvisualisasikan sebuah gambar dalam tiga dimensi: dua koordinat ruang versus tingkat keabuan (gray level). Koordinat ruang merupakan posisi x dan y pada bidang datar dan tingkat keabuan merupakan

ketinggiannya, semakin kearah warna putih maka ketinggianya semakin besar. Skema *Watershed* dapat dilihat pada Gambar 2.7.



Gambar 2.7 Diagram skema *Watershed* [19]

Dengan anggapan bentuk topografi tersebut, maka didapatkan 3 macam titik yang dipertimbangkan dalam metode ini [20]:

- Titik yang merupakan regional minimum.
- Titik yang merupakan tempat dimana jika setetes air di jatuhkan, maka air tersebut akan jatuh hingga ke sebuah posisi minimum tertentu.
- Titik yang merupakan tempat di mana jika air di jatuhkan, maka air tersebut mempunyai kemungkinan untuk jatuh ke salah satu posisi minimum (tidak pasti jatuh ke sebuah titik minimum, tetapi dapat jatuh ke titik minimum tertentu atau titik minimum yang lain).

Untuk sebuah regional minimum tertentu, sekumpulan titik yang memenuhi kondisi (b) disebut sebagai *catchment* basin, sedangkan sekumpulan titik yang memenuhi kondisi (c) disebut sebagai garis *Watershed*.

- Buat $M_1, M_2, M_3, \dots, M_R$ menjadi kumpulan koordinat titik dalam daerah dengan nilai minimum dari sebuah gambar $g(x,y)$.

- Buat $C(Mi)$ menjadi kumpulan koordinat pada daerah pengisian yang memiliki hubungan dengan daerah minimum membentuk komponen yang saling tersambung). Notasi min dan max digunakan untuk menandai nilai minimum dan nilai maksimum dari $g(x,y)$.
- Buat $T[n]$ menjadi kumpulan koordinat (s,t) di mana $g(s,t) < n$, sehingga dapat didefinisikan:

$$T[n] = \{(s,t) | f(x,y) < n\} \quad (2.9)$$

- Secara geometri, $T[n]$ adalah kumpulan koordinat dari $g(x,y)$ yang berada di bawah daerah $g(x,y) = n$. Topografi tersebut kemudian diisi dengan penambahan integer mulai dari $n = \min$ hingga $n = \max$. Pada setiap penambahan, algoritma perlu mengetahui jumlah titik yang berada di bawah “kedalaman” n . Pada umumnya, daerah yang berada di bawah $g(x,y) = n$ diberi warna hitam atau nilai 0 dan yang berada di atasnya diberi warna putih atau nilai 1.
- Buat $Cn(Mi)$ menjadi kumpulan koordinat titik pada daerah pengisian yang berhubungan dengan daerah minimum Mi yang diisi pada tahap n . $Cn(Mi)$ dapat dilihat sebagai gambar *binary* bila menggunakan persamaan:

$$Cn(Mi) = C(Mi) \cap T[n] \quad (2.10)$$

$Cn(Mi) = 1$ terletak pada lokasi (x,y) jika $(x,y) \in C(Mi)$ dan $(x,y) \in T[n]$, selain itu maka nilai $Cn(Mi) = 0$. Dari sini dapat dikatakan bahwa $C[n]$ merupakan gabungan aliran di *catchment* basin pada tahapan n :

$$C[n] = C[n] = \bigcup_{i=1}^R Cn(Mi) \quad (2.11)$$

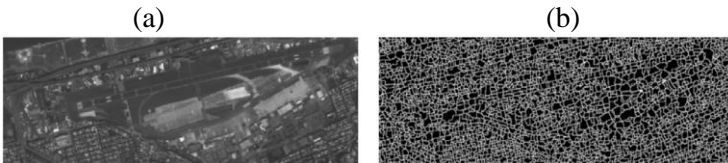
- Kemudian $C[max+1]$ adalah gabungan dari semua *catchment* basin:

$$C[max+1] = \bigcup_{i=1}^R Cn(Mi) \quad (2.12)$$

$C[n-1]$ adalah subjek dari $C[n]$ dan $C[n]$ adalah subjek dari $T[n]$ maka $C[n-1]$ adalah subjek dari $T[n]$. Dari sini didapatkan bahwa tiap komponen yang terhubung $C[n-1]$ memiliki 1 komponen yang terhubung dari $T[n]$. Diasumsikan Q adalah kumpulan komponen yang terhubung dalam $T[n]$.

Diasumsikan Q adalah kumpulan komponen yang terhubung dalam $T[n]$, maka tiap komponen yang terhubung $q \in Q[n]$, terdapat ada 3 kemungkinan:

1. $q \cap C[n-1]$ adalah kosong.
2. $q \cap C[n-1]$ mempunyai 1 komponen yang terhubung dari $C[n-1]$.
3. $q \cap C[n-1]$ mengandung lebih dari 1 komponen yang terhubung dari $C[n-1]$ Jika kondisi ini terjadi maka pengisian akan menyebabkan air di *catchment* basin yang berbeda menjadi bergabung, maka perlu dibangun dam atau *Watershed* line dengan tebal satu piksel.



Gambar 2.8 (a)Citra asli, (b) Hasil segmentasi *Watershed* [21]

2.10 Modifikasi *Watershed*

Beberapa contoh jaringan akan selalu berisi sel yang bertumpukkan atau hanya menyentuh antar batas satu sama lain.

Sel tersebut dapat dievaluasi untuk menjadi sel yang tunggal dan memberikan hasil segmentasi yang akurat. Solusi dari masalah ini adalah dengan menggunakan algoritma *Watershed* yang dari kata sederhana adalah mencari daerah yang memilih perubahan secara drastis pada intensitas dan mengidentifikasinya sebagai batas. Algoritma *Watershed* dilakukan dengan menerapkan transformasi jarak. Transformasi jarak melibatkan perhitungan jarak antar poin dalam gambar.

Menghilangkan beberapa kesalahan karena *over-segmentation* akibat kesalahan ketika satu sel dibagi menjadi beberapa daerah karena variasi intensitas dalam sel. Sehingga memungkinkan satu sel dihitung lebih dari sekali. Dengan sebuah algoritma [22] sederhana dirancang dengan menghitung jarak antara dua *centroid*. Nilai jarak minimum *threshold* dihitung dan semua jarak dibandingkan dengan jarak *threshold* ini. Jarak yang berada di bawah nilai *threshold* diidentifikasi sebagai segmen yang *error* dan akan dihilangkan. Adapun contoh gambar dapat dilihat pada Gambar 2.9. *Centroid* baru di hitung dengan membagi rata-rata koordinat *centroid* yang *error*.

$$d_i = \left(\sqrt{(x_i^2 - x_{i+1}^2) + (y_i^2 - y_{i+1}^2)} \right) \quad (2.13)$$

$i = 1$ sampai

$n =$ jumlah total *centroid*



Gambar 2.9 Konsep Penghilangan *Over-segmentation*

2.11 Fitur Geometri

Fitur atau ciri merupakan suatu deskriptor yang menggambarkan karakteristik dari suatu obyek. Pada tugas akhir ini fitur geometri yang digunakan meliputi *eccentricity*, *area* dan *solidity*.

2.11.1 Eccentricity

Eksentrisitas adalah ukuran kelengkungan sebuah elips yang bernilai antara 0 sampai 1. Eksentrisitas dirumuskan sebagai rasio antara *foci* (titik ellips) dengan panjang *major axis* [23]. Adapun rumusnya sebagai berikut :

$$Eccentricity = \frac{c}{a} \quad (2.14)$$

c = jarak dari pusat ke titik fokus ellips

a = jarak dari pusat ke *vertex*

2.11.2 Solidity

Solidity atau yang biasa dikenal sebagai *convexity* adalah serangkaian piksel yang berada dalam *convex hull*. *Solidity* didefinisikan sebagai rasio antara objek dan area *convex hull* [24]. *Solidity* berpotensi lebih baik dalam menjadi pembeda dalam penentuan sel yang berbentuk tidak beraturan (*irreguar shape*) dengan sel yang beraturan (*generally round cell*). Objek yang *irregular* memiliki *solidity* kurang dari satu. Adapun rumus dari eksentristas adalah sebagai berikut :

$$Solidity : \frac{Area}{ConvexArea} \quad (2.15)$$

2.11.3 Area

Pada dasarnya dalam mencari area atau *region* menggunakan algoritma *connected component labelling* karena dapat mengklasifikasikan area atau objek dalam citra digital. Teknik ini memanfaatkan teori *connectivity* piksel pada citra. Piksel-piksel dalam *region* disebut *connected* (terdapat konektivitas atau *connectivity*) bila mengikuti aturan *adjacency* atau aturan “kedekatan” piksel. Aturan kedekatan piksel ini memanfaatkan sifat ketetanggaan piksel. Dengan demikian piksel – piksel yang dikatakan *connected* pada dasarnya memiliki sifat *adjacency* satu sama lain karena mereka masih memiliki hubungan *neighbourhood* atau ketetanggaan [25].

2.12 K-Means Clustering

K-means merupakan salah satu algoritma clustering. Tujuan algoritma ini yaitu untuk membagi data menjadi beberapa kelompok. Algoritma ini menerima masukan berupa data tanpa label kelas. Hal ini berbeda dengan *supervised learning* yang menerima masukan berupa vektor $(-x-1, y1)$, $(-x-2, y2)$, ..., $(-x-i, yi)$, di mana xi merupakan data dari suatu data pelatihan dan yi merupakan label kelas untuk xi . Pada algoritma pembelajaran ini, komputer mengelompokkan sendiri data-data yang menjadi masukannya tanpa mengetahui terlebih dulu target kelasnya. Pembelajaran ini termasuk dalam *unsupervised learning*. Masukan yang diterima adalah data atau objek dan k buah kelompok (*cluster*) yang diinginkan. Algoritma ini akan mengelompokkan data atau objek ke dalam k buah kelompok tersebut. Pada setiap *cluster* terdapat titik pusat (*centroid*) yang merepresentasikan *cluster* tersebut [26].

Algoritma untuk melakukan K-Means *clustering* adalah sebagai berikut:

1. Pilih K buah titik *centroid* secara acak.

2. Kelompokkan data sehingga terbentuk K buah *cluster* dengan titik *centroid* dari setiap *cluster* merupakan titik *centroid* yang telah dipilih sebelumnya.
3. Pebaharui nilai titik *centroid*.
4. Ulangi langkah 2 dan 3 sampai nilai dari titik *centroid* tidak lagi berubah.

Proses pengelompokkan data ke dalam suatu cluster dapat dilakukan dengan cara menghitung jarak terdekat dari suatu data ke sebuah titik centroid. Pembaharuan suatu titik *centroid* dapat dilakukan dengan rumus berikut:

$$\mu_k = \frac{1}{N_k} \sum_{q=1}^{N_k} x_q \quad (2.16)$$

Di mana:

μ_k = titik centroid dari cluster ke- K

N_k = banyaknya data pada cluster ke- K

x_q = data ke- q pada cluster ke- K

BAB III

ANALISIS DAN PERANCANGAN

Pada bab ini akan dijelaskan mengenai perancangan sistem perangkat lunak yang akan dibuat. Perancangan yang dijelaskan meliputi data dan proses. Data yang dimaksud adalah data yang akan diolah dalam perangkat lunak untuk proses implementasi metode *Fuzzy C-Means* dalam segmentasi dan untuk proses pemisahan sel bertumpuk menggunakan metode *Watershed* yang dimodifikasi.

Perancangan sistem pada bagian ini juga meliputi desain metode secara umum, arsitektur umum sistem, diagram alir sistem dan perancangan tampilan aplikasi dalam proses segmentasi.

3.1 Desain Metode Secara Umum

Pada tugas akhir ini akan dibangun suatu sistem yang dapat melakukan segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara. Citra mikroskopis sel kanker payudara nantinya akan dilakukan metode pengolahan citra, meliputi *noise removal* atau *preprocessing*, *segmentation* dengan metode *Fuzzy C-Means*, morfologi untuk menghilangkan *small removal* dari hasil *segmentation*. Selain itu, dari hasil segmentasi yang dihasilkan akan menjadi inputan dari sebuah proses pendeteksian sel yang bertumpuk menggunakan fitur geometri yaitu eksentrisitas, area dan *solidity*. Kemudian dari hasil pendeteksian fitur geometri dihasilkan sel yang di identifikasi bertumpuk. Sel yang bertumpuk tersebut dilakukan proses modifikasi menggunakan *Watershed*. Modifikasi *Watershed* dilakukan dengan menambahkan transformasi jarak antara dua *centroid*.

Dalam tugas akhir ini, proses pertama yang dilakukan adalah melakukan *preprocess* untuk menghilangkan *noise* pada citra hasil mikroskopis berwarna (RGB). *Noise removal* yang digunakan adalah dengan metode *median filtering*. Masing-masing *channel* dilakukan proses *median filtering*. Hal ini dilakukan agar

didapatkan hasil citra yang baik dan bebas dari *noise*. Dalam proses *median filtering* menggunakan *window* 3 x 3.

Setelah dilakukan preproses, citra hasil *median filtering* diubah dahulu menjadi citra *grayscale* selanjutnya dilakukan proses segmentasi menggunakan metode *Fuzzy C-Means* untuk membagi area menjadi 2 *cluster*. Pengelompokan ini bertujuan untuk memisahkan antara objek dengan *background*. Sehingga di dapatkan citra yang sudah terpisah antara objek dengan *background*. Citra hasil segmentasi diubah menjadi *binari image* untuk menghilangkan *small noise* digunakan pelabelan piksel untuk memfilter bagian yang akan dihilangkan. Kemudian didapatkan citra hasil segmentasi yang bersih dari *small noise*. Segmentasi menggunakan metode *Fuzzy C-Means* ini digunakan sebagai data inputan untuk proses pemisahan sel bertumpuk.

Selanjutnya adalah dari citra hasil segmentasi menggunakan metode *Fuzzy C-Means* dilakukan pemisahan sel bertumpuk menggunakan modifikasi *Watershed*. Sebelumnya, harus diidentifikasi dahulu sel yang terdeteksi bertumpuk menggunakan fitur geometri seperti eksentrisitas, area dan *solidity*. Dengan menggunakan metode *Watershed* dapat memisahkan sel bertumpuk berdasarkan nilai intensitas keabuan. Namun sering terjadi *oversegment*. Modifikasi *Watershed* diterapkan dengan menambahkan perhitungan jarak antar dua *centroid*. Dari perhitungan jarak tersebut dilakukan pencarian jarak dibawah jarak minimum (*threshold*). Jarak minimum diambil dengan menggunakan analisis jarak minimum yang diperbolehkan. Jarak yang kurang dari ambang batas minimum jarak, maka diidentifikasi menjadi jarak *centroid* yang *error*. Hal ini dijadikan acuan bahwa terdapat sel yang *oversegment*. Sehingga perlu dilakukan perubahan letak koordinat *centroid* yang baru. Koordinat *centroid* yang baru di cari dengan menghitung rata-rata dari dua *centroid* yang jaraknya dibawah ambang batas untuk mendapatkan hasil *centroid-centroid* yang benar.

3.2 Perancangan Data

Dengan mempertimbangkan terbatasnya waktu pengerjaan Tugas Akhir, implementasi perangkat lunak haruslah efisien dan cepat. Karena memiliki fleksibilitas dan memiliki banyak variasi *image processing toolbox*, maka MATLAB adalah solusi sebagai alat dalam implementasi.

3.2.1 Data Masukan

Data masukan adalah data yang akan diolah oleh sistem untuk mendapatkan hasil keluaran yang sudah ditentukan sistem. Pada proses ini, data masukan yang dipakai berupa citra mikroskopis sel kanker payudara. Data yang digunakan adalah dataset yang diperoleh dari Biomedical Image Informatics pada *website* www.bioimage.ucsb.edu yang berlokasi Harold Frank Hall, Universitas California. Data dikumpulkan oleh UCSB Bio – Segmentation menggunakan mikroskop dengan *magnification* 100 $\mu\text{m}/\text{pixel}$. Para ahli tersebut membagi jenis sel kedalam dua kelompok yaitu *Benignant* dan *Malignant*. Dengan total semua citra 58 citra yang akan diproses. Data yang akan diproses sebelumnya harus disamakan dengan ukuran *ground truth* sehingga harus dilakukan proses pemotongan citra agar sesuai dengan *ground truth* untuk mempermudah dalam proses perhitungan akurasi. Proses pemotongan data citra yang berukuran asli di potong menyesuaikan ukuran *ground truth* menggunakan fungsi *imcrop* pada Aplikasi Matlab.



Gambar 3.1 Gambar data masukan citra asli dan citra *ground truth*

3.2.2 Data Proses

Data proses adalah proses pengolahan data dari data input. Sebelum keluarnya suatu output dari citra input maka data input tersebut harus di proses melalui tahap segmentasi.

Tabel 3.1 Data Proses Dalam Sistem Pada Proses Segmentasi

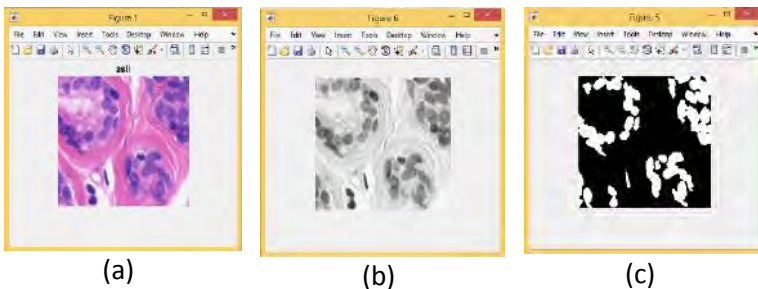
Nama Data	Tipe Data	Keterangan
img1	uint8	citra asli sel mikroskopis sel kanker payudara
img1grey	uint8	citra asli yang dirubah menjadi <i>grayscale</i>
piksel	double	array yang menampung piksel citra <i>grayscale</i>
e	double	<i>threshold</i> untuk metode Fuzzy C-Means
membership	double	matriks membership yang digunakan dalam tahap Fuzzy C-Means
Pn	double	nilai objektif sebagai kriteria penghentian dalam proses Fuzzy C-Means
<i>centroid</i>	double	nilai pusat <i>cluster</i>
jarak	double	matriks berisi jarak antara pusat <i>cluster</i> dengan tiap <i>centroid</i>
newMember	double	matriks yang berisi keanggotaan baru tiap iterasi
BW2	logical	citra binary image yang di hilangkan small noise
newMember	Double	Matriks menyimpan nilai <i>membership</i>
Xcol_sum	double	Menyimpan nilai hasil penjumlahan <i>membership</i>

**Tabel 3.2 Data Proses Dalam Sistem Pada Proses Modifikasi
*Watershed***

Nama Data	Type Data	Keterangan
areaimg	logical	Matriks gambar yang menyimpan hasil dari morfologi area
BW	logical	matriks gambar hitam putih
eccimg	logical	matriks gambar hasil morfologi eccentricity
ida	logical	array yang menyimpan nilai yang memenuhi kriteria area
ide	logical	array yang menyimpan nilai yang memenuhi kriteria aeccentricity
ids	logical	array yang menyimpan nilai yang memenuhi kriteria solidity
img1	logical	matriks citra Asli
intersectEccarea	logical	matriks yang mendapatkan nilai image gabungan hasil eccentricity dengan area
intersectSolidarea	Logical	matriks yang mendapatkan nilai image gabungan hasil solidity dengan area
jarak	logical	matiriks menyimpan nilai jarak
L	uint8	matriks yang memuat nilai positive integer
temp	double	menyimpan nilai jarak koordinat <i>centroid</i>
x_ <i>centroid</i>	double	array berisi koordinat x dari <i>centroid</i>
y_ <i>centroid</i>	double	matriks yang berisi koordinat y dari <i>centroid</i>

3.2.3 Data Keluaran

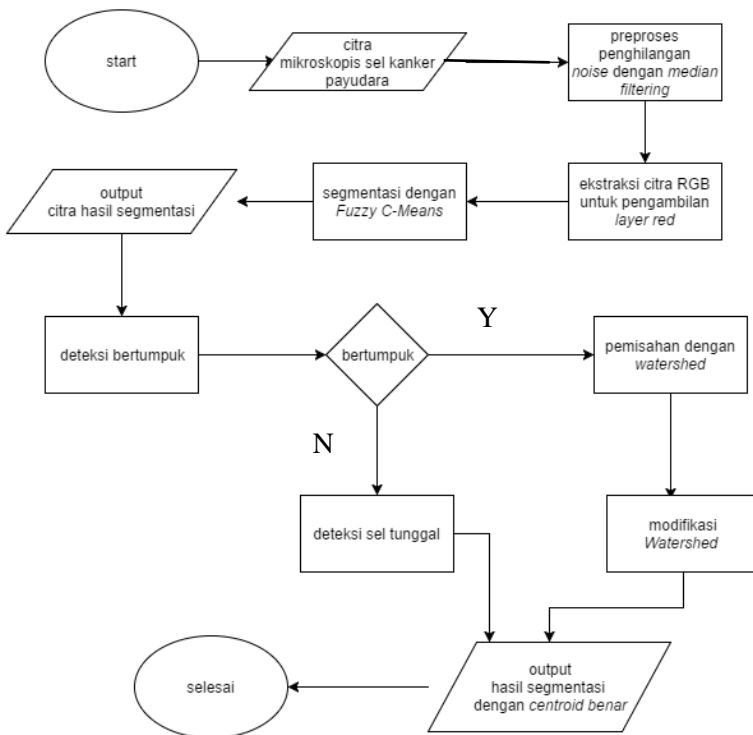
Data keluaran adalah data yang dihasilkan dari proses yang berjalan pada aplikasi. Pada aplikasi ini, data yang dihasilkan aplikasi adalah citra *binary image* yang telah tersegmentasi menggunakan *Fuzzy C-Means*. Contoh data keluaran dapat dilihat pada Gambar 3.2



Gambar 3.2 Citra Asli Mikroskopis Sel Kanker Payudara,(b) Citra *Grayscale*,(c) Citra hasil segmentasi

3.3 Diagram Alir Sistem

Pada proses utama yang terdapat pada Gambar 3.3 dalam sistem segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara ini dibutuhkan data masukan berupa citra. Citra yang dimasukkan adalah citra mikroskopis sel kanker payudara yang akan diolah. Hasil dari proses adalah citra biner yang sudah tersegmentasi menggunakan *Fuzzy C-Means*. Citra biner tersebut sudah terpisahkan antara *background* dengan objek. Kemudian dari hasil tersebut dijadikan inputan untuk proses pemisahan sel yang bertumpuk menggunakan metode *Watershed* yang akan dimodifikasi dengan penambahan transformasi jarak. Sebelum dilakukan proses *Watershed* citra hasil segmentasi dipisahkan antar citra yang bertumpuk dan citra tunggal. Citra sel kanker yang bertumpuk dilakukan proses *Watershed*.



Gambar 3.3 Diagram alir proses segmentasi dan pemisahan sel bertumpuk

3.3.1 Preproses

Dalam citra mikroskopis sel kanker payudara, dimungkinkan terdapat *noise* yang seringkali akan menghambat proses segmentasi. Diperlukan adanya perbaikan citra untuk meningkatkan akurasi proses segmentasi citra. Langkah utama yang dilakukan seperti yang terdapat pada Gambar 3.4 adalah citra mikroskopis sel kanker payudara (RGB) yang kemudian dilakukan proses penghilangan *noise* pada preproses agar citra bersih dari *noise* guna meningkatkan hasil akurasi pada proses segmentasi. Penghilangan *noise* menggunakan metode *median filtering*. Proses

preproses menggunakan fungsi *medfilt* pada aplikasi Matlab. Metode preproses *median filtering* menggunakan *window* 3x3 yang ditempatkan pada suatu citra mikroskopis sel kanker payudara, maka nilai piksel pada pusat bidang *window* dapat dihitung dengan mencari nilai median dari nilai intensitas sekelompok piksel. Cara memperoleh nilai median, yaitu nilai keabuan dari titik-titik pada matriks diurutkan dari nilai terkecil hingga terbesar, kemudian hasil median dari nilai yang diurutkan secara *ascending* dijadikan nilai yang berada paling tengah atau pusat *window*.



Gambar 3.4 Diagram alir preproses *median filtering*

Kemudian dilanjutkan dengan mengekstraksi citra sel mikroskopis sel kanker payudara yang berwarna (RGB). Ekstraksi citra sel mikroskopis sel kanker payudara terekstraksi menjadi

layer red, *layer green* dan *layer blue*. Kemudian mengambil *layer red* pada citra mikroskopis sel kanker payudara yang berwarna (RGB) yang semula terdiri dari 3 layer. Untuk proses segmentasi menggunakan metode *Fuzzy C-Means* ini hanya menggunakan *layer red* [5]. Penggunaan *layer red* ini disebabkan karena jika dibandingkan dengan fitur warna lain *layer green* dan *layer blue* terdapat banyak objek yang hilang bila disegmentasi menggunakan *Fuzzy C-Means*. *Layer red* dari citra warna RGB memiliki range warna $[0,255]$ sehingga terbentuk citra keabuan. Dari citra mikroskopis sel kanker payudara layer R ini akan dilakukan proses segmentasi menggunakan metode *Fuzzy C-Means*.

3.3.2 Proses Segmentasi

Proses segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara menggunakan metode *Fuzzy C-Means* dapat dilihat pada *pseudocode* Gambar 3.5. Pada citra yang telah dilakukan tahap penghilangan *noise*, dilakukan segmentasi untuk membagi citra menjadi 2 bagian, yaitu *background* dan objek dengan metode *Fuzzy C-Means*. Pada baris 1 menjelaskan metode *Fuzzy C-Means* ini mula-mula diperlukan inisialisasi *membership function* random sesuai dengan nilai piksel masing-masing dalam proses pengelompokan gambar. Nilai *random* ini merupakan *membership function* (μ) dari piksel. Kemudian mencari nilai *centroid* menggunakan *membership function* dan piksel pada gambar pada baris 3 sampai baris 10. Setelah didapatkan *centroid* maka dilakukan perhitungan mencari nilai objektif pada baris 11 yang menggambarkan jarak dari titik data tersebut ke pusat *cluster* yang terbobot oleh derajat keanggotaan titik data tersebut menggunakan jarak dan *membership*. Nilai objektif ini dibandingkan dengan nilai *threshold* sebagai penghentian dalam iterasi. Pada setiap iterasi membutuhkan nilai *membership function* yang baru pada tiap iterasi. Pembaharuan nilai *membership function* pada baris 12 membutuhkan perhitungan jarak tiap *cluster*. Proses pada baris 13 iterasi dapat benar-benar berhenti ketika nilai fungsi objektif sudah

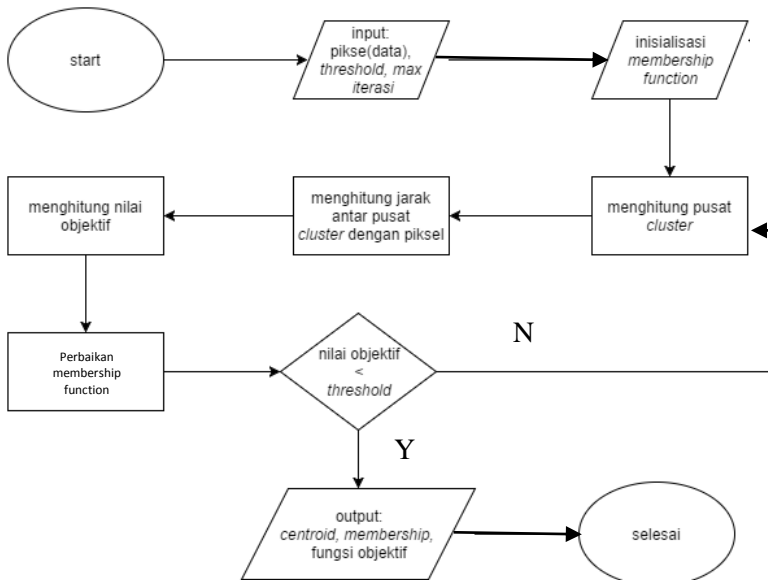
melebihi nilai *threshold* yang diberikan. Proses iterasi ini merupakan cara dalam memperbaiki pusat *cluster* dan derajat keanggotaan atau *membership function* pada setiap titik data secara berulang. Proses perulangan ini berhenti ketika nilai fungsi objektif sudah bernilai diatas nilai *threshold*. Diagram alir metode *Fuzzy C-Means* dapat terlihat pada Gambar 3.6.

masukan	data, <i>threshold</i> , maksimal iterasi
keluaran	<i>Centroid</i> , membership baru, fungsi objektif
1.	Inisialisasi matriks membership function berukuran data*jumlah <i>Cluster</i>
2.	for i=1:max iterasi
3.	hitung jarak pusat klaster (<i>centroid</i>)
4.	if <i>centroid</i> (1) > <i>centroid</i> (2)
5.	temp = <i>centroid</i> (1);
6.	<i>centroid</i> (1) = <i>centroid</i> (2);
7.	<i>centroid</i> (2) = temp;
8.	temp = <i>centroid</i> ;
9.	end
10.	hitung jarak data dengan pusat klaster
11.	hitung objektive function
12.	perbaiki membership function (matriks U)
13.	if i > 1
14.	if(abs(obj_func(i)-obj_func(i-1))< e
15.	break
16.	end
17.	end
18.	end

Gambar 3.5 Pseudocode Algoritma *Fuzzy C-Means*

Setelah didapatkan citra sel mikroskopis payudara yang tersegmentasi, berikutnya dilakukan operasi *morfologi* untuk

menghilangkan *small noise* yang terdapat pada hasil segmentasi. Untuk proses penghilangan *small noise* menggunakan fungsi pada matlab yaitu *bwareaopen*. Dengan digunakan fungsi *bwareaopen* area yang kecil yang memberikan *noise* yang membuat citra tampak kurang bersih, menjadi hilang dan menghasilkan citra bersih.

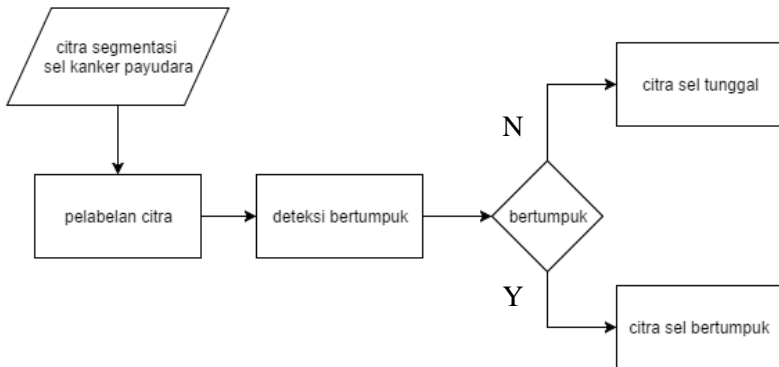


Gambar 3.6 Diagram alir proses *Fuzzy C-Means*

3.3.3 Proses Deteksi Sel Bertumpuk

Tahapan proses segmentasi yang telah dijabarkan diatas. Citra hasil segmentasi dengan metode *Fuzzy C-Means* menjadi masukkan untuk proses pemisahan sel bertumpuk menggunakan metode *Watershed* yang dimodifikasi. Citra hasil segmentasi dengan menggunakan metode *Fuzzy C-Means* terdapat sel yang sudah terpisah dan masih bertumpuk. Maka dari itu dibutuhkan pemisahan sel dengan *Watershed*. Namun seringkali menggunakan

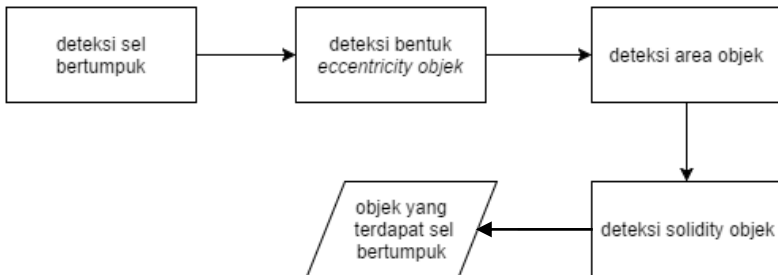
Watershed dapat menyebabkan *oversegment* yang menyebabkan sel kanker terdeteksi lebih dari satu. Sehingga dibutuhkan modifikasi pada *Watershed* dengan menambahkan perhitungan jarak antara dua *centroid*. Proses deteksi sel bertumpuk dapat dilihat pada Gambar 3.7



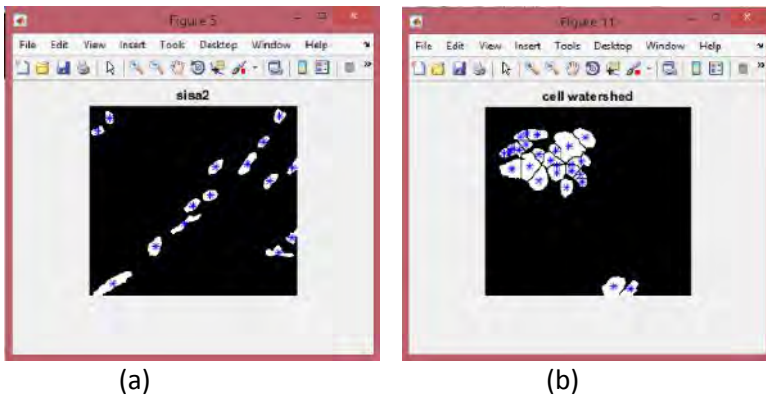
Gambar 3.7 Gambar diagram alir deteksi sel bertumpuk

Sebelum dilakukan proses *Watershed* dan dimodifikasi, perlu dilakukan *filtering* pada citra hasil segmentasi dengan metode *Fuzzy C-Means*. *Filtering* ini digunakan dalam menyaring sel yang benar-benar *single* dengan sel yang terindikasi bertumpuk. Sehingga, dibutuhkan fitur geometri untuk mendeteksi sel yang bertumpuk. Fitur geometri yang digunakan ialah eksentrisitas, area dan *solidity*. Deteksi sel kanker payudara yang bertumpuk diawali dengan pelabelan citra mikroskopis sel kanker payudara. Pelabelan ini akan membantu untuk mendeteksi setiap region citra mikroskopis sel kanker payudara dan fiturnya. Fitur geometri yang nantinya dibutuhkan dalam proses pendeteksian sel kanker payudara yang bertumpuk antara lain : Area, Eksentrisitas dan *Solidity*. Area atau jumlah piksel pada region berpengaruh terhadap penentuan sel kanker payudara yang bertumpuk. Sel kanker payudara yang bertumpuk memiliki area atau luasan yang relatif lebih besar dibandingkan dengan rata-rata sel kanker payudara tunggal. Eksentrisitas adalah nilai kelengkungan sebuah *ellips*.

Umumnya citra sel tunggal berbentuk *ellips*. Selain itu *solidity* dari bentuk sel kanker payudara juga berpengaruh terhadap penentuan sel kanker payudara yang bertumpuk dan yang tunggal. Sel kanker yang memiliki bentuk tidak beraturan (*irregular*) cenderung memiliki tingkat bertumpuk yang besar daripada bentuk sel yang *regular* yang lebih cenderung membentuk sel tunggal.



Gambar 3.8 Diagram alir deteksi morfologi sel bertumpuk

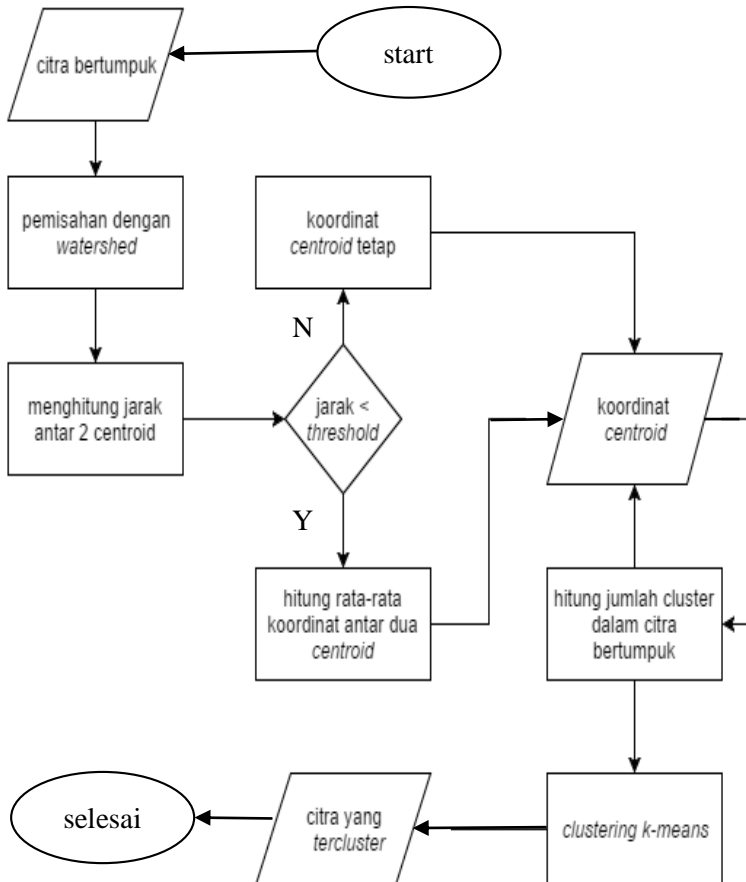


Gambar 3.9 (a) Contoh pemisahan sel tunggal, (b) Contoh pemisah sel bertumpuk dengan *Watershed*

Region yang terdeteksi sebagai sel kanker bertumpuk akan dipisahkan dari region sel kanker payudara yang tunggal untuk

kemudian dilakukan proses berikutnya yaitu pemisahan sel kanker payudara yang bertumpuk.

3.3.4 Proses Pemisahan Sel Kanker Payudara Bertumpuk



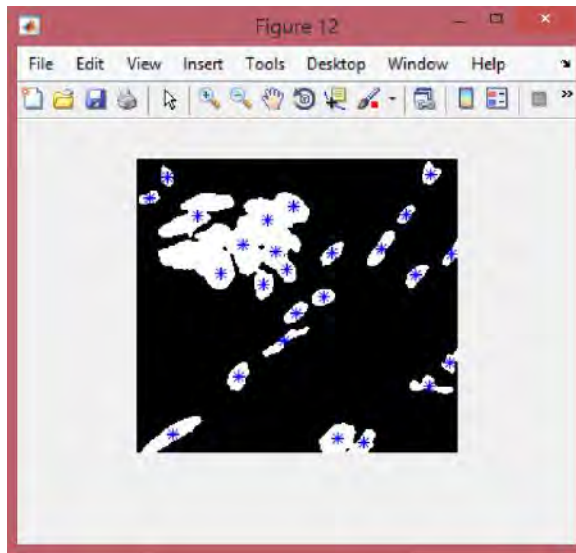
Gambar 3.10 Diagram alir proses pemisahan sel bertumpuk

Setelah ditentukan sel kanker payudara yang bertumpuk, langkah berikutnya adalah memisahkan sel kanker payudara yang

bertumpuk tersebut menggunakan metode *Watershed* yang dimodifikasi dengan penambahan perhitungan jarak antara dua *centroid*. Dimana dua *centroid* tersebut memiliki jarak yang *error* sehingga diidentifikasi sebagai *oversegment*. Adapun gambar diagram alir dapat dilihat pada Gambar 3.10.

Pemisahan sel kanker payudara bertumpuk dimulai dengan mengaplikasikan metode *Watershed* yang sudah terdapat pada fungsi *Watershed* yang terdapat pada Matlab 2015a. Metode *Watershed* diaplikasikan untuk memisahkan sel yang bersentuhan atau *touching cell*. Namun hal ini membuat sel terdeteksi *oversegment*. Sehingga proses modifikasi metode ini ditambah dengan perhitungan jarak antara dua *centroid*. Kemudian setiap jarak di bandingkan dengan nilai *threshold* yang akan diinputkan. Nilai *threshold* ini digunakan sebagai batas *error* jarak yang dihitung. Jarak yang berada pada nilai bawah atau kurang dari *threshold* jarak yang diperbolehkan maka diidentifikasi sebagai *centroid* yang *error*. Sehingga perlu dilakukan pengeliminasian dua *centroid*. *Centroid* baru dihitung dengan menghitung nilai koordinat rata-rata terhadap dua *centroid* yang *error* tersebut. Gambar contoh hasil modifikasi *Watershed* dapat dilihat pada Gambar 3.11.

Setelah didapatkan koordinat *centroid* yang baru maka dilakukan pemetaan koordinat baru ke *region* citra bertumpuk. Pemetaan dilakukan dengan cara membandingkan *centroid* hasil modifikasi *Watershed* dengan *centroid* area citra bertumpuk yang dilakukan proses perhitungan jarak menggunakan *euclidean distance*. Dari hasil perhitungan jarak *centroid* yang dimodifikasi dan *centroid* area bertumpuk dicari nilai minimum. Kemudian nilai minimum tersebut dipetakan ke *index* dari area bertumpuk dan dihitung jumlah *cluster* dalam area citra bertumpuk. Setelah ditemukan jumlah *cluster* dalam region citra bertumpuk, dilakukan proses *clustering* dengan menggunakan algoritma *K-Means*. Hasil dari algoritma *K-Means* merupakan terdapat area-area yang telah terpisah.



Gambar 3.11 Contoh gambar hasil modifikasi *Watershed*

3.4 Rancangan Antarmuka Aplikasi

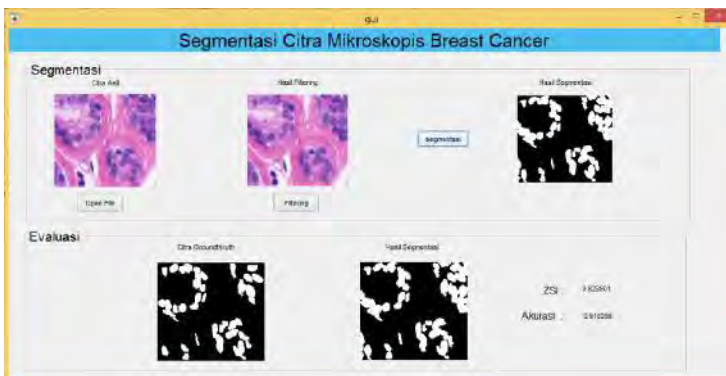
Dalam merancang sistem segmentasi yang diterapkan pada aplikasi ini, selain merancang sistem segmentasi yang berjalan, antarmuka aplikasi juga perlu dirancang. Dalam aplikasi ini, terdapat suatu jendela utama aplikasi. Rancangan antarmuka yang akan ditampilkan bisa dilihat pada Gambar 3.12 dan Gambar 3.13. Dalam jendela utama aplikasi ini ditampilkan citra asli (masukkan dari pengguna) yang akan diolah, kemudian ditampilkan hasil preproses, dan ditampilkan hasil segmentasi citra. Kemudian ditampilkan hasil akurasi segmentasi berdasarkan perbandingan *ground truth* yang ditampilkan dengan hasil segmentasi dengan metode *Fuzzy C-Means*.

Dalam menjalankan aplikasi ini pengguna dapat memilih citra yang akan disegmentasi dengan mengklik tombol *open file*

kemudian memilih gambar yang akan disegmentasi. Kemudian untuk melakukan proses *median filtering* pengguna dapat menekan klik tombol *filtering* kemudian akan ditampilkan gambar hasil *median filtering*. Tombol segmentasi digunakan untuk menampilkan hasil segmenatasi beserta *ground truth* dari citra masukkan tersebut. Hasil akurasi dan nilai ZSI juga akan ditampilkan pada aplikasi ini.



Gambar 3.12 Tampilan antar muka aplikasi sebelum dijalankan



Gambar 3.13 Tampilan antar muka aplikasi setelah dijalankan

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

BAB IV IMPLEMENTASI

Setelah dijelaskan mengenai proses yang dijalankan untuk melakukan segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara pada Bab 3, pada Bab 4 ini akan dijelaskan mengenai implementasi yang dilakukan pada proses percobaan.

4.1 Lingkungan Implementasi

Dalam penjelasan analisis dan desain perancangan langkah segmentasi pada citra mikroskopis sel kanker payudara pada Bab 3, maka pada Bab 4 ini akan dijelaskan mengenai implementasi yang dilakukan pada proses percobaan.

4.1.1 Lingkungan Implementasi Perangkat Keras

Spesifikasi perangkat keras yang digunakan pada lingkungan pengembangan aplikasi adalah sebagai sebuah komputer PC atau laptop sebagai komputer pemroses dengan spesifikasi:

Perangkat	Spesifikasi
Perangkat keras	Prosesor : Intel® Core™ i5-4278U CPU @ 2.60 GHz Memori : 8.00 GB Tipe Sistem : 64-bit Operating System, x64-based processor
Perangkat lunak	Sistem Operasi: Microsoft Windows 8 64-bit Perangkat Pengembang: Matlab R2015a Perangkat Pembantu: Microsoft Excel 2013 Draw.io

4.1.2 Lingkungan Implementasi Perangkat Lunak

Spesifikasi perangkat lunak yang digunakan pada lingkungan pengembangan aplikasi adalah sebagai berikut:

- ❖ Windows 8 sebagai sistem operasi
- ❖ MATLAB R2015a sebagai IDE untuk mengimplementasikan aplikasi.

4.2 Implementasi Tahap Preproses

Implementasi tahap preproses dapat dilihat pada Kode Sumber 4.1 yang terdiri dari pemisahan citra RGB menjadi *layer* R, *layer* G dan *layer* B dan penghilangan *noise*. Data masukan berupa citra mikroskopis sel kanker payudara berwarna (RGB). Dalam tahap preproses ini citra berwarna (RGB) diekstraksi menjadi *layer* R, *layer* G dan *layer* B pada baris 1 sampai 3. Pada baris 4 sampai 5 masing-masing *layer* citra R, *layer* G dan *layer* B dilakukan penghilangan *noise* menggunakan fungsi *medfilt2* dengan *window berukuran 3x3*. Mencari nilai median dari nilai yang ada pada *window* untuk mengisi nilai pada pusat *window*. Kemudian setelah dilakukan penghilangan *noise* guna meningkatkan hasil segmentasi, pada masing masing *layer* RGB, selanjutnya *layer-layer* tersebut digabung menjadi satu. Dilakukanya preproses tersebut menghasilkan citra mikroskopis sel kanker payudara RGB yang bebas dari *noise*. Hasil dari preproses ini dijadikan inputan untuk proses segmentasi selanjutnya.

```
1. R = pic1(:,:,1);
2. G = pic1(:,:,2);
3. B = pic1(:,:,3);
4. R = medfilt2(R);
5. G = medfilt2(G);
6. B = medfilt2(B);
```

Kode Sumber 4.1 Preproses *median filtering*

4.3 Implementasi Tahap Proses Segmentasi

Implementasi proses segmentasi terdiri dari dua tahapan, yaitu proses segmentasi menggunakan *Fuzzy C-Means* (FCM) dan proses pemisahan sel kanker payudara yang bertumpuk menggunakan metode *Watershed* yang dimodifikasi.

4.3.1 Implementasi Proses Segmentasi dengan FCM

Setelah dilakukan penghilangan *noise*, dilakukan proses segmentasi menggunakan *Fuzzy C-Means* yang dapat dilihat pada Kode Sumber 4.2 dan Kode Sumber 4.3 untuk memisahkan citra menjadi dua bagian, yaitu *background* dan sel kanker payudara. Pada baris 1 adalah tahap awal proses segmentasi menggunakan *Fuzzy C-Means* dengan memasukkan citra hasil dari preproses. Kemudian mengambil layer R yang ada pada citra hasil preproses pada baris 2. Citra layer R tersebut terdiri dari matriks dua dimensi. Pada baris 6 citra yang berbentuk matriks dua dimensi tersebut diubah menjadi matriks berdimensi 1 x jumlah piksel. Menentukan nilai matriks *membership* awal secara acak sebanyak jumlah *cluster* x jumlah piksel, dimana jumlah *cluster* yang digunakan adalah dua. Kemudian menentukan *threshold* yaitu 0.00005 sebagai batas dari nilai minimal fungsi objektif pada tiap iterasi pada baris 8. Fungsi objektif ini digunakan sebagai kriteria penghentian iterasi. Pada baris 9 menentukan maksimal iterasi yaitu 100 kali iterasi. Dalam satu kali iterasi menghitung nilai *centroid* yang ada pada baris 16. Nilai *centroid* ini didapatkan dari proses perhitungan penjumlahan matriks *membership* dengan bobot dua dikalikan dengan matriks data yaitu 1 x jumlah piksel, lalu dibagi dengan jumlah matriks *membership*. Setelah menghitung *centroid* maka dilakukan proses perhitungan jarak antara *centroid* (pusat *cluster*) dengan piksel dalam citra. Kemudian pada baris 17 sampai 21 menghitung nilai fungsi objektif dengan menghitung penjumlahan nilai jarak dikuadratkan dengan matriks *membership* berbobot dua. Setelah itu pada baris 23 sampai 27 lakukan perhitungan perbaikan nilai matriks

membership menggunakan perhitungan nilai jarak yang dipangkatkan minus dua dibagi dengan jumlah dari nilai jarak tersebut. Pada baris 28 sampai 34 iterasi berakhir ketika nilai objektif dari setiap iterasi sudah mencapai nilai minimum *threshold* yaitu 0.00005.

```

1. gambar= imread('C:\KULIAH\TA\dataset\filter2\gbrA
   sli1.tif');
2. R = gambar(:,:,1);
3. [barisR,kolomR] = size(R);
4. dataR = barisR * kolomR;
5. data = dataR;
6. pikselR = reshape(R,data,1);
7. pikselR = double(pikselR);
8. e = 0.00005;
9. maxiter = 100;
10. membershipR = rand(2,data);
11. col_sum = sum(membershipR);
12. membershipR = membershipR ./ col_sum(ones(2,1),:)
    ;
13. Pn = zeros(1,100);
14.
15. for i=1:maxiter
16.     centroid = tempAt ./ temp;
17.     jarak1=jarakfcm(pikselR,centroid(1,1));
18.     jarak2 = jarakfcm(pikselR,centroid(2,1));
19.     jarak = [ jarak1' ; jarak2'];
20.
21.     Pn(i) = sum(sum((jarak.^2) .* (membershipR.^2
        ) ));
22.
23.     tempnewmemAt = jarak.^-2;
24.     tempnewmemBw = jarak.^-2;
25.     tempnewmemBw = sum(tempnewmemBw);
26.     newMember = [newMember1 ; newMember2];
27.     membershipR = newMember;
28.     if i > 1
29.         end
30.

```

Kode Sumber 4.2 Proses segmentasi *Fuzzy C-Means*

```

31.     end
32. end

```

Kode Sumber 4.3 Proses segmentasi *Fuzzy C-Means* (lanjutan)

4.3.2 Implementasi Proses Hasil Segmentasi

Kode Sumber yang dapat dilihat pada Kode Sumber 4.4 yaitu untuk dapat menampilkan hasil *clustering* dari segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara menggunakan *Fuzzy C-Means*, maka dilakukan proses pengelompokan. Proses pengelompokan ini dilakukan untuk memisahkan nilai-nilai yang masuk kedalam kelompok *background* dan kelompok objek. Pengelompokan dimulai pada baris 3 dengan menghitung hasil pengurangan *centroid* satu dengan nilai piksel matriks layer R yang kemudian dibandingkan dengan nilai hasil pengurangan nilai piksel matriks dengan *centroid* 2. Pada baris 4 dan 6 hasil yang menunjukkan nilai lebih besar pada perhitungan menggunakan *centroid* satu maka dimasukkan sebagai kelompok *background* dan bila hasil perbandingan menunjukkan lebih kecil dari perhitungan menggunakan *centroid* satu maka dimasukkan ke dalam kelompok objek.

```

1. for i=1:barisR
2.     for j=1:kolomR
3.         if( abs(R(i,j)-centroid(1)) > abs(R(i,j)-
               centroid(2)))
4.             R(i,j)=0;
5.         else
6.             R(i,j)=255;
7.         end
8.     end
9. end

```

Kode Sumber 4.4 Menampilkan hasil segmentasi

Kemudian setelah dilakukan proses pengelompokan, matriks layer R diubah nilai menjadi *uint8*. Namun, dalam hasil

segmentasi menggunakan *Fuzzy C-Means* dalam gambar terdapat *small noise* sehingga membuat gambar tampak kurang bersih. Untuk karena itu digunakan fungsi *bwareaopen* yang dapat dilihat pada Kode Sumber 4.5 menggunakan Matlab. Sebelum dilakukan proses penghilangan *small noise*, maka citra hasil segmentasi diubah menjadi *image black and white* pada baris 1. Kemudian pada baris 2 dilakukan penghilangan *connected components* yang memiliki nilai piksel dibawah 100 pada gambar *black and white*. Jumlah ketetanggaan yang digunakan yaitu delapan ketetanggaan.

```
1. R = uint8(R);
2. BW2 = bwareaopen(R, 100);
```

Kode Sumber 4.5 Penghilangan *small noise*

4.4 Implementasi Tahap Proses Pemisahan Sel Bertumpuk

Implementasi proses pemisahan citra mikrokopis sel kanker payudara bertumpuk ini terdiri dari tahapan mendeteksi sel kanker payudara bertumpuk kemudian dilakukan pemisahan sel kanker payudara bertumpuk dan dilakukan perbaikan *oversegment* akibat digunakan metode *Watershed* dalam proses pemisahan sel kanker payudara yang bertumpuk.

4.4.1 Implementasi Proses Deteksi Sel Bertumpuk

Dari hasil segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara dapat terlihat sel yang bertumpuk dan tidak. Maka perlu dilakukan pemisahan pada sel yang bertumpuk yang dapat dilihat pada Kode Sumber 4.6. Sebelum dilakukan pemisahan maka pada tahap awal perlu dilakukan proses pendeteksian sel yang bertumpuk. Pada proses ini digunakan fitur geometri untuk membedakan antar sel yang bertumpuk dengan yang tidak. Fitur geometri yang digunakan yaitu *eccentricity*, area dan *solidity*. Proses diawali dengan melabeli citra hitam putih pada bari 1 menggunakan fungsi *bwlabel* yang ada pada matlab. Proses

pelabelan citra dilakukan berdasarkan delapan ketetanggaan. Kemudian dengan menggunakan fungsi Matlab *regionprops* pada baris 2 dengan didapatkan fitur nilai *eccentricity*. Pada baris 3 sampai 4 fitur *eccentricity* digunakan bertujuan sebagai pembeda ukuran sel yang berukuran > 0.7 merupakan sel yang bertumpuk. Kemudian pada baris 5 sampai 6 fitur area didapatkan dari fungsi *regionprops* pada matlab. Fitur area digunakan sebagai pembeda sel bertumpuk dengan *single* sel yang diukur berdasarkan luas daerah pada citra. Area yang memiliki luas > 450 terindikasi sebagai sel yang bertumpuk. Fitur terakhir yang digunakan dari fungsi *regionprops* ialah *solidity*. Fitur *solidity* pada baris 7 sampai 8 digunakan dalam pembeda bentuk sel kanker payudara. Sel kanker payudara yang bertumpuk cenderung memiliki bentuk yang tidak beraturan (*irregular*). Nilai ambang batas yang digunakan dalam penentuan sel yang bertumpuk ialah yang memiliki nilai *solidity* < 0.9 .

```
1. labelecc = bwlabel(BW);
2. stat = regionprops(labelecc, 'All');
3. ide = ( [stat.Eccentricity] > 0.7);
4. eccimg = ismember(labelecc, find(ide));
5. ida = ( [stat.Area] > 450);
6. areaimg = ismember(labelecc, find(ida));
7. ids = ( [stat.Solidity] < 0.9);
8. solidimg = ismember(labelecc, find(ids));
```

Kode Sumber 4.6 Deteksi sel bertumpuk

4.4.2 Implementasi Proses Pemisahan Sel

Pada tahap proses pemisahan sel kanker payudara bertumpuk digunakan metode *Watershed*. Pengaplikasian proses *Watershed* menggunakan fungsi *Watershed* yang terdapat pada matlab. Penggunaan *Watershed* ditujukan untuk memisahkan sel yang bersentuhan berdasarkan nilai intensitasnya. Namun, seringkali metode *Watershed* menghasilkan hasil pemisahan yang menyebabkan *oversegment*. Oleh sebab itu perlu dilakukan

pembenahan dalam penerapan metode *Watershed* yang akan dibahas pada proses berikutnya.

Dalam melakukan proses *Watershed* digunakan fungsi pada matlab yaitu *bwdist* yang dapat dilihat pada Kode Sumber 4.7. Fungsi ini digunakan dalam menghitung nilai *distance transform* dari *binary image*. *Distance transform* menghitung jarak setiap piksel ke nilai *nonzero*. Dalam hal ini menggunakan *complement* dari gambar *black and white*. Karena jika tidak maka hasil gambar akan menunjukkan hanya terdapat satu *catchment* basin. Selain itu perlu dilakukan perubahan nilai *distance transform* menjadi negatif untuk mengembalikan area terang kedalam *catchment* basin

Setelah mendapatkan nilai *catchment* basin pada setiap objek, maka selanjutnya mengaplikasikan fungsi *Watershed* yang terdapat pada fungsi Matlab. Mengaplikasikan fungsi *Watershed* pada gambar yang sudah diaplikasikan fungsi *bwdist* pada baris 1. Sehingga gambar yang dihasilkan tampak sudah terpisah-pisah sesuai dengan nilai intensitasnya. Pemisahan ini dihasilkan dari pelabelan matriks L pada baris 2, dimana label matriks L memuat nilai *positive integer* yang sesuai dengan lokasi setiap *catchment* basin. Dalam label matriks L nilai *zero* digunakan sebagai lokasi garis *Watershed* untuk memisahkan objek-objek yang terdapat pada gambar aslinya.

```
1. D = -bwdist(~waterimg);
2. L = Watershed(D);
3. waterimg(L == 0) = 0;
```

Kode Sumber 4.7 Fungsi *Watershed*

Untuk melihat objek-objek yang telah dipisahkan, maka diperlukan menampilkan *centroid* yang dapat dilihat pada Kode Sumber 4.8 setiap objek yang sudah terpisah-pisah. Untuk mengaplikasikan proses tersebut digunakan fungsi *regionprops*. Fungsi *regionprops* digunakan dalam menentukan *centroid* setiap objek yang terdapat

dalam *image*. Kemudian dilakukan fungsi *plot* pada Matlab pada baris 2 untuk menampilkan hasil.

```
1. for x = 1: length(propswater)
2.     plot(propswater(x).Centroid(1),propswater(x)
   .Centroid(2),'b*');
3. end
```

Kode Sumber 4.8 Menampilkan koordinat *centroid*

4.4.3 Implementasi Proses Modifikasi *Watershed*

Setelah dilakukan proses *Watershed* maka dihasilkan gambar yang sudah terpisah-pisah objeknya. Namun, hal ini menimbulkan efek *oversegment* pada hasil pemisahan. Sehingga perlu dilakukan proses penambahan atau modifikasi pada tahap selanjutnya. Pada tahap selanjutnya diperlukan mencari nilai koordinat x dan y pada *centroid* yang telah ditampilkan pada proses sebelumnya. Proses pencarian nilai koordinat *centroid* dibutuhkan sebuah iterasi pada baris 1 sampai 4 untuk menyimpan nilai koordinat *centroid* x dan y dari fungsi *regionprops* pada matlab yang dapat dilihat pada Kode Sumber 4.9. pada baris 6 masing-masing nilai x dan y di simpan dalam sebuah *variable*.

```
1. for i=1:length(propswater )
2.     x_centroid(i) = propswater(i).Centroid(1);
3.     y_centroid(i) = propswater(i).Centroid(2);
4. end
5. koordinat = [x_centroid; y_centroid];
6. temp(1:2, :) = koordinat(1:2, :);
```

Kode Sumber 4.9 Menyimpan Koordinat

Untuk tahap selanjutnya pada Kode Sumber 4.10 ialah pada baris 1 menentukan nilai *threshold* jarak sebagai ambang batas jarak yang *error*. Kemudian pada baris 11 dilakukan proses pengecekan

jarak antar dua *centroid*. Setiap jarak di cek dan di tandai. Apabila terdapat jarak yang *error* maka perlu dilakukan penggantian nilai pada baris 12 sampai 13 koordinat antar jarak dua *centroid* tersebut menggunakan nilai rata-rata koordinat x dan y dari kedua *centroid* tersebut. Perhitungan nilai koordinat *centroid* yang baru berdasarkan hasil perhitungan jarak yang *error*, apabila terdapat koordinat *centroid* yang tidak *error* saat dilakukan pengecekan maka koordinat *centroid* tersebut tetap dipertahankan tanpa merubah nilai koordinat pada baris 18 sampai 23.

```

1. Avgd = (...)
2. temp = koordinat;
3.
4. for i = 1:length(temp)
5.     for j = 1:length(temp)
6.         d(i,j)=sqrt((abs((temp(1,i)^2)-
7.             (temp(1,j)^2))) + (abs(((temp(2,i))^2)-
8.                 ((temp(2,j))^2)))));
9.     end
10.    end
11.    for k = 1:length(temp)
12.        for l = 1:length(temp)-k
13.            if d(1,l+k) < avgd
14.                temp2(1,idx) = (temp(1,l) + temp(1,l+k))/2;
15.                temp2(2,idx) = (temp(2,l) + t
16.                    emp(2,l+k))/2;
17.                idx = idx+1;
18.            end
19.        end
20.    end
21.    for k = 1:length(temp)
22.        temp2(1,idx) = temp(1,k);
23.        temp2(2,idx) = temp(2,k);
24.        idx = idx+1;
25.    end
26. end

```

Kode Sumber 4.10 Modifikasi Watershed

4.5 Implementasi Proses *Clustering K-Means*

Pada tahap ini dilakukan proses *clustering* untuk memetakan *centroid* ke region atau area yang bertumpuk. Pemetaan *centroid* yang telah dimodifikasi ke daerah citra yang bertumpuk.

```

1. for i = 1 : length(koor_sx)
2.     for j = 1:length(temp)
3.         selisih(i,j) = dist(koor_sx(i),temp(j));
4.     end
5. end
6. [selisih_min,sel_idx] = min(selisih);
7.
8.
9. for k1 = 1 : numel(sx)
10.    opts = statset('Display','final');
11.    [idx1,ctrs]=kmeans(sx(k1).PixelList,jml(k1),..
12.        'Distance','sqEuclidean',...
13.        'Replicates',2,...
14.        'Options',opts);
15.    tmp = NaN;
16.    tmp= [sx(k1).PixelList idx1];
17.
18.    for k2=1:jml(k1)
19.        Colors = [hsv(k2+1) hsv(k2+2) hsv(k2+3)] ;
20.        plot(tmp(find(tmp(:,3)==k2),1),tmp(find(tm
21.            p(:,3)==k2),2), '-');
22.        hold all
23.        plot(ctrs(:,1), ctrs(:,2), 'b+');
24.    end
25. end
26.
27.
28. hold off;

```

Kode Sumber 4.11 Tahapan *Clustering K-Means*

4.6 Implementasi Proses Evaluasi Segmentasi

Evaluasi performa metode *Fuzzy C-Means* dalam proses segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara dengan cara membandingkan hasil citra hasil segmentasi dengan citra hasil segmentasi manual (*ground truth*) yang dapat dilihat pada Kode Sumber 4.12.

```

1. imggr=imread();
2. ground_truth= im2bw(imggr);
3. Imgs = imread();
4. imgseg = im2bw(imgs);
5. imshow(imgseg)
6. for i = 1:baris
7.     for j = 1:kolom
8.         if ground
9.             truth(i,j) == 1 && imgseg(i,j) == 1
10.                tp = tp+1;
11.            end
12.            if ground
13.                truth(i,j) == 0 && imgseg(i,j) == 0
14.                    tn = tn+1;
15.                end
16.                if ground
17.                    truth(i,j) == 1 && imgseg(i,j) == 0
18.                        fn = fn+1;
19.                    end
20.                    if ground
21.                        truth(i,j) == 0 && imgseg(i,j) == 1
22.                            fp = fp+1;
23.                        end
24.                    end
25.                end
26.            end
27.        end
28.    end
29.    sensitivity = tp/(tp+fn);
30.    specificity = tn/(fp+tn);
31.    accuracy = (tp+tn)/(tp+fp+tn+fn);
32.    precision = tp/(tp+fp);

```

Kode Sumber 4.12 Tahapan evaluasi kerja sistem

Citra hasil segmentasi manual didapatkan dari dataset citra mikroskopis sel kanker payudara. Pada baris 2 dan 4 kedua citra diubah menjadi citra biner. Evaluasi dilakukan dengan berbagai cara, diantaranya menggunakan *confusion matrix* seperti pada Tabel 4.1. Untuk mendapatkan nilai *sensitifity* pada baris 23 , *specifity* pada baris 24, dan *accuracy* pada baris 25. Implementasi tahap evaluasi dapat dilihat pada Kode Sumber 4.12.

Tabel 4.1 Confusion Matrix

		Predicted	
		Negative	Positive
Actual	Negative	TN	FP
	Positive	FN	TP

True Positive (TP) merupakan suatu kondisi dimana prediksi bernilai benar, dan hasil sesungguhnya juga berhenti benar. *True Negative* (TN) adalah kondisi dimana prediksi bernilai salah yang dan yang sebenarnya bernilai salah. *False Positives* (FP) merupakan kondisi dimana nilai prediksi adalah benar dan sebenarnya adalah salah (*Type I error*), dan *False Negative* (FN) adalah kondisi dimana prediksi bernilai salah dan sebenarnya bernilai benar (*Type II error*). Dari *confussion matrix* dapat diperoleh beberapa hal yaitu:

Accuracy: Secara keseluruhan, seberapa besar yang terklasifikasi dengan benar. Nilai akurasi dihitung dengan rumus

$$Accuracy = \frac{T_p + T_n}{T_p + F_p + T_n + F_n} \quad (4.1)$$

Specificity: seberapa besar diprediksi benar ketika kondisi sebenarnya bernilai salah. Nilai *specificity* dihitung dengan

$$Specificity = \frac{T_n}{F_p + T_n} \quad (4.2)$$

Sensitivity: seberapa besar ketepatan nilai prediksi dengan kondisi yang sebenarnya. Nilai *sensitivity* dihitung dengan

$$Sensitivity = \frac{Tp}{Tp + Fn} \quad (4.3)$$

Contoh perhitungan akurasi menggunakan *confusion matrix* pada citra mikroskopos sel kanker payudara adalah membandingkan nilai intensitas piksel tertentu pada matriks *ground truth* dengan matriks hasil segmentasi.

Dalam tugas akhir ini juga dilakukan evaluasi dengan menghitung seberapa besar *overlap* antara citra hasil segmentasi dengan citra hasil segmentasi manual(*ground truth*) , dan hasilnya diukur menggunakan *Zijdenbos Similiarity index* (ZSI) [27]. ZSI merupakan sebuah *metric* untuk mengetahui performa beberapa metode segmentasi berbasis regin. ZSI menghitung presentase ratio *overlap* diantara dua citra, A (segmentasi otomatis) dan M (segmentasi manual / *ground truth*). ZSI yang bernilai 0.7 atau lebih besar dianggap sebagai *excellent segementation*. ZSI didefinisikan sebagai

$$ZSI = 2 * \frac{|A \cap M|}{|A| + |M|} \quad (4.4)$$

Perhitungan nilai index ZSI lebih menghitung hasil *overlap* dari suatu *image* yang diambil irisanya. Sehingga perhitungan tidak membutuhkan nilai *True Negative* seperti perhitungan akurasi. Sehingga hasil keakuratan segmentasi dapat diambil dengan hasil yang lebih akurat. Contoh perhitungan index ZSI pada segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara adalah pada citra mikroskopis sel kanker payudara didapatkan nilai matriks irisan hasil segmentasi dengan *ground truth*. Kemudian hasil irisan tersebut dijumlah dan dibagi dengan penjumlahan matriks hasil penjumlahan matriks segmentasi dan *ground truth*.

BAB V

UJI COBA DAN EVALUASI

Pada bab ini akan dibahas hasil uji coba dan evaluasi terhadap hasil segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara. Pembahasan dalam bab ini meliputi lingkungan uji coba, skenario uji coba, dan evaluasi.

Uji coba dilakukan dengan menggunakan data masukkan berupa citra mikroskopis sel kanker payudara. Kemudian pada data masukkan akan dilakukan suatu proses sesuai dengan skenario yang telah ditentukan.

5.1 Lingkungan Uji Coba

Sebelum ditampilkan uji coba, perlu diketahui lingkungan uji coba dalam melakukan proses pengujian dan tahap evaluasi, baik perangkat keras (*hardware*) maupun perangkat lunak (*software*), yang digunakan pada uji coba tugas akhir ini. Lingkungan pengujian tersebut ditunjukkan pada Tabel 5.1 yang dapat dilihat di bawah ini.

Tabel 5.1 Spesifikasi lingkungan uji coba

Perangkat	Spesifikasi
Perangkat keras	Prosesor : Intel® Core™ i5-4278U CPU @ 2.60 GHz Memori : 8.00 GB Tipe Sistem : 64-bit Operating System, x64-based processor
Perangkat lunak	Sistem Operasi: Microsoft Windows 8 64-bit Perangkat Pengembang: Matlab R2015a Perangkat Pembantu: PhotoShop

5.2 Data Uji Coba

Data uji coba yang digunakan pada Tugas Akhir ini adalah citra mikroskopis sel kanker payudara. Data set yang digunakan di unduh melalui *website* www.bioimage.ucsb.edu [6]. Kemudian dari hasil citra yang diambil dilakukan proses pemotongan gambar sesuai *ground truth*. Sehingga memiliki ukuran yang sama antara dataset hasil mikroskopis asli dengan dataset *ground truth* sel mikroskopis kanker payudara.

5.3 Skenario Uji Coba

Sebelum melakukan uji coba, perlu ditentukan skenario yang akan digunakan dalam uji coba. Melalui skenario ini, perangkat lunak diuji apakah sudah berjalan dengan benar dan memiliki performa yang baik sesuai dengan kondisi yang ditentukan.

Skenario uji coba yang dilakukan sebagai berikut:

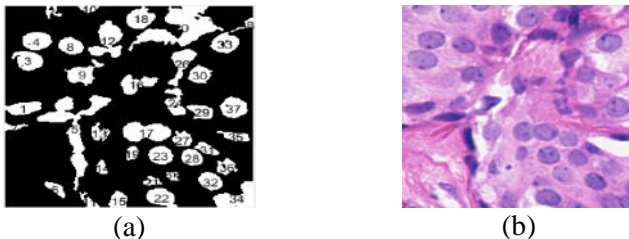
1. Skenario 1
Hasil uji coba dan analisis paramater morfologi untuk proses pemisahan citra mikroskpois sel kanker payudara.
2. Skenario 2
Hasil segmentasi citra sel mikroskopis sel kanker payudara menggunakan *layer red* dengan *groundtruth* menggunakan nilai *threshold* 0.00005 yang ditentukan.
3. Skenario 3
Perbandingan jumlah *centroid* antara citra mikroskopis sel kanker payudara asli dengan *hasil segmentasi feature red* yang telah dilakukan metode *Watershed* yang dimodifikasi dengan berbagai variasi *threshold* yang ditentukan. Kemudian dibandingkan dengan hasil pemisahan tanpa modifikasi *Watershed*.

Pada skenario uji coba pertama dilakukan proses analisis dan pengamatan dalam menentukan nilai paramater morfologi berupa area, *solidity* dan *eccentricity*. Dalam skenario uji coba

kedua dihitung perhitungan akurasi, *specificity* dan *sensitifity* untuk setiap citra yang disegmentasi. Perhitungan ini menggunakan tabel *confusion matrix* dijelaskan pada Tabel 4.1 serta dilakukan evaluasi menggunakan index ZSI seperti yang dijelaskan pada Subbab 4.5 notasi nomor 4.4. Serta skenario uji coba ketiga dilakukan untuk membandingkan jumlah *centroid* antara citra mikroskopis sel kanker payudara asli dengan *hasil segmentasi feature red* yang telah dilakukan metode *Watershed* yang dimodifikasi.

5.3.1 Uji Coba dan Evaluasi Skenario 1

Skenario 1 adalah analisis dan pengamatan parameter fitur morfologi. Dari hasil pengamatan citra, terlihat bahwa bentuk dari citra sel kanker payudara sangat bervariasi. Citra sel kanker payudara yang telah disegmentasi banyak terlihat sel yang bertumpuk dan terlihat sel tunggal. Dalam mempermudah proses pemisahan sel bertumpuk, dipisahkan terlebih dahulu sel bertumpuk dengan sel tunggal. Fungsi *regionprops* pada Matlab dilakukan untuk mengambil fitur morfologi yaitu area, *solidity* dan *eccentricity*. Fitur morfologi ini selanjutnya akan digunakan pada proses pemisahan sel bertumpuk menggunakan metode modifikasi *Watershed*. Pada Gambar 5.1 citra mikroskopis sel kanker payudara yang telah disegmentasi dan citra mikroskopis sel kanker payudara asli. Dilakukan penomoran untuk mempermudah analisis dan pengamatan.



Gambar 5.1 Contoh citra mikroskopis sel kanker payudara 1, (a) Citra hasil segmentasi, (b) Citra asli



Gambar 5.2 Contoh citra mikroskopis sel kanker payudara 2,
(a) Citra hasil segmentasi, (b) Citra asli

Tabel 5.2 Hasil Parameter Morfologi Gambar 1

data ke	area	<i>solidity</i>	<i>eccentricity</i>
1	376	0.92	0.91
2	106	0.72	0.94
3	474	0.91	0.63
4	470	0.97	0.59
5	1660	0.38	0.89
6	181	0.92	0.92
7	104	0.61	0.49
8	360	0.97	0.62
9	503	0.68	0.75
10	100	0.96	0.90
11	135	0.73	0.93
12	792	0.75	0.81
13	223	0.79	0.56
14	129	0.93	0.85
15	256	0.95	0.58
16	447	0.78	0.84
17	791	0.88	0.88
18	493	0.95	0.52

Tabel 5.3 Hasil Parameter Morfologi Gambar 1 (lanjutan)

data ke	area	<i>solidity</i>	<i>eccentricity</i>
19	146	0.95	0.79
20	1861	0.63	0.83
21	125	0.80	0.73
22	457	0.93	0.73
23	389	0.97	0.35
24	375	0.74	0.89
25	103	0.84	0.70
26	504	0.70	0.93
27	253	0.92	0.26
28	312	0.97	0.54
29	287	0.85	0.76
30	340	0.93	0.35
31	200	0.93	0.89
32	359	0.97	0.65
33	450	0.92	0.45
34	695	0.82	0.80
35	225	0.89	0.93
36	237	0.83	0.33
37	467	0.94	0.19
38	106	0.65	0.93

Tabel 5.4 Hasil Parameter Morfologi Gambar 2

data ke	area	eccentricity	solidity
1	106	0.84	0.91
2	442	0.97	0.91
3	838	0.94	0.80
4	4216	0.82	0.76

Tabel 5.5 Hasil Parameter Morfologi Gambar 2 (lanjutan)

data ke	area	eccentricity	solidity
5	102	0.80	0.95
6	224	0.81	0.95
7	196	0.98	0.72
8	170	0.88	0.97
9	162	0.75	0.98
10	642	0.86	0.88
11	168	0.89	0.95
12	242	0.95	0.90
13	103	0.89	0.97
14	161	0.89	0.96
15	200	0.94	0.68
16	153	0.56	0.93
17	113	0.80	0.83
18	102	0.93	0.88

Nilai ambang batas untuk menyaring sel kanker yang bertumpuk dilakukan dengan melakukan pengamatan area menggunakan fungsi Matlab yaitu *regionprops* yang dapat dilihat pada Tabel 5.2 dan Tabel 5.4. Dari contoh tabel diatas dan *sample* gambar yang dapat dilihat pada Gambar 5.1 dan Gambar 5.2 didapatkan bahwa area 447 pada data ke-16 terlihat bertumpuk sedangkan pada data ke-22 dengan luas area 457 terlihat bertumpuk. Sedangkan, pada data ke-33 dengan luas area 450 terlihat tidak bertumpuk. Hal ini menjadikan alasan untuk membuat ambang batas area yaitu > 450 sebagai sel bertumpuk. Sayangnya, parameter luasan tidak cukup dikarenakan terdapat area diatas 450 atau > 450 merupakan *single* sel maka perlu dilakukan pengamatan dari segi *eccentricity*. Melihat dari hasil pengamatan pada Tabel 5.2 dan Tabel 5.4, maka dapat terlihat bahwa area yang besar dimana area yang lebih dari 450 mempunyai

nilai *eccentricity* yaitu diatas 0.7. Meskipun terdapat nilai *eccentricity* lebih dari 0.7 tetapi luas area dibawah 450 maka dianggap tidak bertumpuk. Selain itu digunakan parameter *solidity* untuk menentukan sel bertumpuk. Sel bertumpuk cenderung memiliki bentuk yang *irregular*. Nilai batas *solidity* yang diambil berdasarkan pengamatan yaitu kurang dari 0.9. Nilai ini diambil sebagai ambang batas sel bertumpuk dikarenakan rata-rata luas area yang terdapat sel bertumpuk memiliki nilai kurang dari 0.9. Selain itu diambilnya nilai 0.9 tersebut dikarenakan objek yang memiliki nilai kurang dari 1 merupakan objek *irregular boundaries*. Dari hasil analisi tersebut disimpulkan bahwa semua kriteria bergantung pada area, jika tidak memenuhi ketiganya namun hanya area dan *eccentricity* atau area dan *solidity* maka dikategorikan sebagai sel bertumpuk. Hal ini dikarenakan wilayah yang luas sangat berpengaruh terhadap keberadaan sel yang bertumpuk.

Sehingga berdasarkan analisis tersebut diatas maka dirancang suatu batas untuk mendeteksi region yang termasuk sel kanker payudara bertumpuk dengan yang tidak bertumpuk atau *single* sel. Adapun rincian batas yang digunakan didefinisikan sebagai berikut :

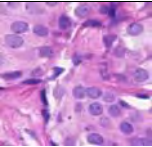
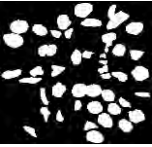
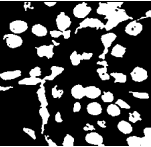
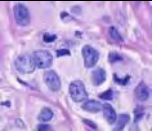
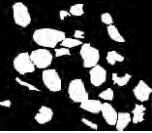

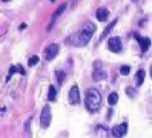


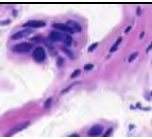


- a. Cari region yang memiliki eksentrisitas > 0.7
- b. Cari region yang memiliki Area > 450
- c. Cari region yang memiliki *solidity* < 0.9

5.3.2 Uji Coba dan Evaluasi Skenario 2

Skenario 2 adalah uji coba yang membandingkan hasil segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara dengan *ground truth* menggunakan nilai *threshold* positif yang ditentukan. Dalam uji coba ini digunakan nilai *threshold* berdasarkan nilai *threshold Fuzzy C-Means* pada Matlab. Parameter yang digunakan ialah menggunakan 2 *cluster*. Pengelompokan ini digunakan untuk mebeddakan antara objek dengan *background*. Pada segmentasi

Fuzzy C-Means digunakan fitur warna dari RGB yang berupa *layer* R saja. Dalam pemilihan keanggotaan atau *membership* menggunakan nilai *random* rentang 0-1. Derajat keanggotaan atau bobot yang digunakan bernilai 2. Hasil dari segmentasi objek sel kanker payudara akan dijadikan sebagai masukkan untuk proses pemisahan sel bertumpuk pada tahap selanjutnya. Pada uji coba ini digunakan 58 citra mikroskopis sel kanker payudara. Uji coba dilakukan sebanyak 100 kali iterasi untuk masing-masing citra. Dengan nilai *threshold* 0.00005 seperti yang ada pada Matlab.

Tabel 5.6 Hasil Segmentasi FCM Kelompok Citra *Malignant*

Data ke	Citra Asli	Citra <i>Ground truth</i>	Hasil Segmentasi
5			
10			
11			
12			

Tabel 5.7 Pengujian Segmentasi FCM Citra *Malignant*

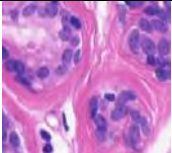


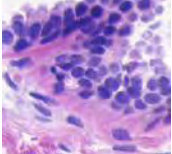

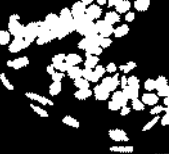
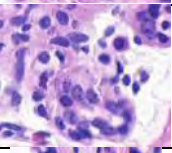


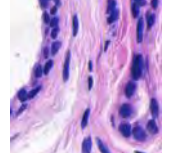


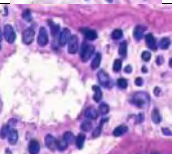


No	Data Ke	ZSI	<i>Sensitivity</i>	<i>Specitifity</i>	Akurasi
1	4	0.72	0.87	0.87	0.87
2	5	0.81	0.90	0.90	0.90
3	6	0.78	0.81	0.81	0.81
4	10	0.86	0.92	0.92	0.92
5	11	0.86	0.94	0.94	0.94
6	12	0.84	0.95	0.95	0.95
7	16	0.71	0.83	0.83	0.83
8	17	0.82	0.92	0.92	0.92
9	18	0.72	0.86	0.86	0.86
10	22	0.65	0.81	0.81	0.81
11	23	0.67	0.86	0.86	0.86
12	24	0.65	0.82	0.82	0.82
13	28	0.75	0.88	0.88	0.88
14	29	0.39	0.61	0.61	0.61
15	30	0.71	0.86	0.86	0.86
16	34	0.57	0.76	0.76	0.76
17	35	0.75	0.86	0.86	0.86
18	36	0.82	0.88	0.88	0.88
19	39	0.67	0.79	0.79	0.79
20	40	0.76	0.87	0.87	0.87
21	44	0.41	0.94	0.45	0.54
22	45	0.65	0.94	0.74	0.79
23	46	0.64	0.95	0.86	0.87
24	50	0.82	0.88	0.90	0.90
25	51	0.77	0.86	0.90	0.90
26	52	0.84	0.96	0.95	0.96
Rata-rata		0,72	0.72	0.87	0.84

Pada Tabel 5.6 merupakan hasil segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara tipe *Malignant*. Citra mikroskopis sel kanker payudara yang dilakukan segmentasi pada citra tipe *Malignant* sebanyak 26 citra. Hasil segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara tipe *Malignant* dilakukan proses evaluasi. Evaluasi tersebut meliputi nilai *sensitivity*, *specificity*, akurasi serta indeks ZSI hasil segmentasi dengan nilai parameter yang telah dilakukan. *Sensitifity* merupakan banyak objek yang tersegmentasi dengan benar, yakni objek yang bernilai putih pada hasil segmentasi begitupun pada citra *ground truth*. Sedangkan nilai akurasi didapatkan dengan membandingkan jumlah luas area putih dan area hitam pada citra *ground truth* dan citra hasil segmentasi sistem. Nilai indeks ZSI merupakan seberapa besar area yang *overlap* antara citra hasil segmentasi sistem dan citra *ground truth*. Penjelasan lebih detail mengenai metode evaluasi dapat dilihat pada subbab 4.5.

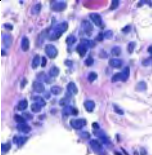
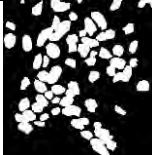
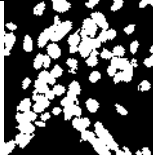
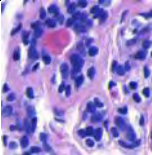
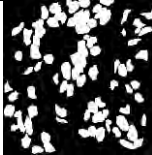
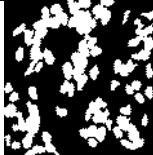
Hasil evaluasi segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara pada Tabel 5.7 menunjukkan bahwa mean ZSI pada dataset citra mikroskopis sel kanker payudara kelompok *Malignant* sudah mencapai angka diatas 0.7, dengan ini berarti hasil segmentasi sudah cukup baik [27]. Rata-rata indeks ZSI terendah sebesar 0.39 dengan akurasi sebesar 0.61 pada data citra mikroskopis sel kanker payudara data ke-29 tipe *Malignant*, hal ini dikarenakan citra asli mikroskopis sel kanker payudara pada dataset ke-29 ini terlihat gelap dibandingkan dengan citra tipe *Malignant* yang lain serta warna *background* dan objek umumnya terlihat sama. Sehingga piksel yang dilakukan proses segmentasi, seharusnya dikelompokkan menjadi *background* dari citra dataset ke-29 yang berwarna mirip dengan warna objek juga dikelompokkan sebagai objek. Seperti yang terlihat pada Gambar 5.4. Sedangkan nilai indeks ZSI terbaik untuk dataset citra mikroskopis sel kanker payudara kelompok *Malignant* sebesar 0.86 dengan akurasi sebesar 0.94. Hal ini disebabkan secara umum dataset citra ke-11 memiliki warna *background* dan objek yang cukup berbeda. Sehingga piksel yang disegmentasi sebagai

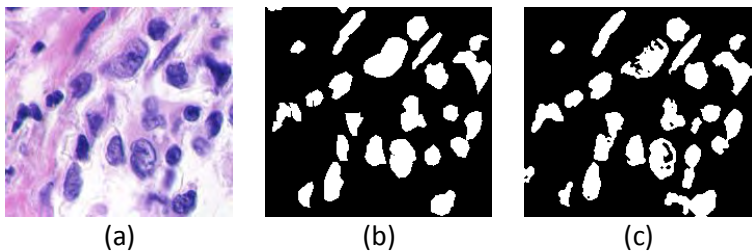
background tetap menjadi *background* dan piksel yang disegmentasi sebagai objek juga tetap dikelompokkan menjadi objek seperti yang terlihat pada Gambar 5.3. Rata-rata indeks ZSI pada segmentasi citra mikrokopis sel kanker payudara tipe *Malignant* diperoleh sebesar 0.71, nilai ini masih diatas 0.7, artinya segmentasi dengan paramater yang ditentukan cukup baik.

Tabel 5.8 Hasil Segmentasi FCM Citra *Benignant*

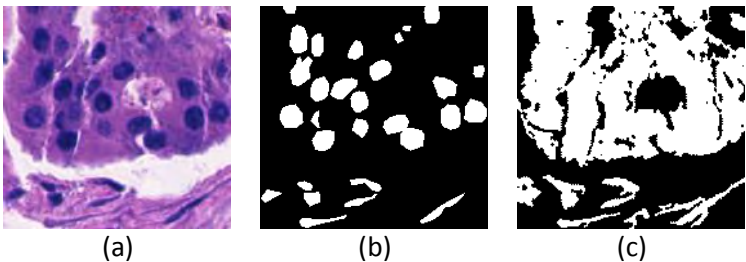
Data ke	Citra Asli	Citra <i>Grounstruth</i>	Hasil Segmentasi
2			
7			
8			
9			
14			

Tabel 5.8 Hasil Segmentasi FCM Citra *Benignantt* (lanjutan)

Data ke	Citra Asli	Citra <i>Ground truth</i>	Hasil Segmentasi
47			
48			



Gambar 5.3 Hasil segmentasi FCM citra *Malignant* akurasi tinggi, (a) Citra Asli, (b) Citra *ground truth*,(c) Citra hasil segmentasi



Gambar 5.4 Hasil segmentasi FCM citra *Malignant* akurasi rendah, (a) Citra Asli,(b) Citra *ground truth*, (c) Citra hasil segmentasi

Tabel 5.9 Pengujian Segmentasi FCM Citra *Benignant*

No	Data Ke	ZSI	<i>Sensitivity</i>	<i>Specitifity</i>	Akurasi
1	1	0.82	0.91	0.91	0.91
2	2	0.82	0.92	0.92	0.92
3	3	0.79	0.86	0.86	0.86
4	7	0.86	0.92	0.92	0.92
5	8	0.84	0.91	0.91	0.91
6	9	0.87	0.95	0.95	0.95
7	13	0.81	0.93	0.93	0.93
8	14	0.88	0.94	0.94	0.94
9	15	0.78	0.90	0.90	0.90
10	19	0.75	0.88	0.88	0.88
11	20	0.84	0.93	0.93	0.93
12	21	0.76	0.89	0.89	0.89
13	25	0.76	0.88	0.88	0.88
14	26	0.69	0.81	0.81	0.81
15	27	0.76	0.91	0.91	0.91
16	31	0.66	0.80	0.80	0.80
17	32	0.68	0.87	0.87	0.87
18	33	0.81	0.91	0.91	0.91
19	37	0.58	0.75	0.75	0.75
20	38	0.69	0.82	0.82	0.82
21	41	0.71	0.99	0.75	0.81
22	42	0.57	0.98	0.78	0.81
23	43	0.84	0.93	0.89	0.90
24	47	0.84	0.93	0.90	0.91
25	48	0.85	0.94	0.90	0.91
26	49	0.76	0.98	0.85	0.88

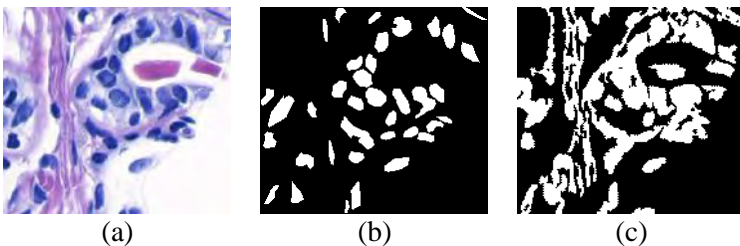
Tabel 5.9 Pengujian Segmentasi Citra *Benignant* (lanjutan)

No	Data Ke	ZSI	<i>Sensitivity</i>	<i>Specitify</i>	Akurasi
27	53	0.81	0.93	0.91	0.92
28	54	0.74	0.95	0.89	0.90
29	55	0.81	0.92	0.90	0.91
30	56	0.77	0.95	0.89	0.90
31	57	0.78	0.97	0.78	0.84
32	58	0.64	0.99	0.86	0.88
Rata-rata		0.77	0.77	0.91	0.88

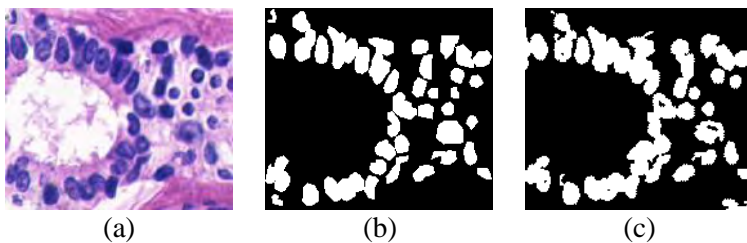
Pada Tabel 5.8 merupakan hasil segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara tipe *Benignant*. Citra mikroskopis sel kanker payudara yang di lakukan segmentasi pada citra tipe *Benignant* sebanyak 32 citra. Hasil segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara tipe *Benignant* dilakukan prose evaluasi. Evaluasi tersebut meliputi nilai *sensitivity*, *specifity*, akurasi serta indeks ZSI hasil segmentasi dengan nilai parameter yang telah dilakukan. *Sensitifity* merupakan banyak objek yang tersegmentasi dengan benar, yakni objek yang bernilai putih pada hasil segmentasi begitupun pada citra *ground truth*. Sedangkan nilai akurasi didapatkan dengan membandingkan jumlah luas area putih dan area hitam pada citra *ground truth* dan citra hasil segmentasi sistem. Nilai indeks ZSI merupakan seberapa besar area yang *overlap* antara citra hasil segmentasi sistem dan citra *ground truth*. Penjelasan lebih detail mengenai metode evaluasi dapat dilihat pada subbab 4.5.

Hasil evaluasi segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara pada Tabel 5.9 menunjukkan bahwa mean ZSI pada dataset citra mikroskopis kelompok *Benignant* sudah mencapai angka diatas 0.7, ini berarti segmentasinya sudah cukup baik [27]. Rata-rata index ZSI terendah sebesar 0,58 pada data citra mikroskopis sel kanker payudara ke-37 tipe *Benignant* dengan

akurasi 0.75, hal ini dikarenakan citra asli mikroskopis sel kanker payudara ini terlihat warna *background* dan objek umumnya sama. Sehingga piksel yang disegmentasi, seharusnya dikelompokkan menjadi *background*, yang berwarna mirip dengan warna objek juga dikelompokkan sebagai objek seperti pada gambar yang terlihat pada Gambar 5.5. Sedangkan rata-rata indeks ZSI terbaik untuk dataset citra mikroskopis sel kanker payudara kelompok *Benignant* sebesar 0.88. Hal ini disebabkan umumnya dataset citra ke-14 memiliki warna *background* dan objek yang cukup berbeda seperti yang terlihat pada Gambar 5.6. Rata-rata index ZSI pada segmentasi citra mikroskopis sel kanker payudara tipe *Benignant* diperoleh sebesar 0.77, nilai ini masih diatas 0.7, artinya segmentasi dengan paramater yang ditentukan cukup baik.



Gambar 5.5 Hasil segmentasi FCM citra *Benignant* akurasi rendah, (a) Citra Asli, (b) Citra *ground truth*,(c) Citra hasil segmentasi



Gambar 5.6 Hasil segmentasi FCM citra *Benignant* akurasi tinggi, (a) Citra Asli, (b) Citra *ground truth*,(c) Citra hasil segmentasi

.Dari hasil evaluasi terdapat nilai evaluasi dengan ZSI dan menggunakan akurasi. Dari hasil pengujian akan diambil hasil terbaik dengan melihat nilai indeks ZSI daripada akurasi. Hal ini disebabkan nilai indeks ZSI lebih menghitung dari sisi objek daripada akurasi yang tetap menghitung nilai *true negative* piksel hasil segmentasi.

5.3.3 Uji Coba dan Evaluasi Skenario 3

Skenario 3 adalah uji coba yang membandingkan jumlah *centroid* antara citra asli dengan dengan hasil segmentasi yang telah dilakukan *Watershed* yang dimodifikasi dalam pemisahan sel bertumpuk dengan berbagai variasi *threshold* yang ditentukan. Berbagai macam *threshold* digunakan untuk penentuan jarak yang *error* untuk proses pemisahan sel bertumpuk. Hasil dari modifikasi *Watershed* akan dibandingkan dengan hasil tanpa modifikasi *Watershed*. Data citra yang digunakan dalam perhitungan merupakan citra yang dengan jelas diidentifikasi sebagai sel kanker.

Dalam uji coba ini data citra dibagi menjadi 2 bagian yaitu kelompok citra *Benignant* dan *Malignant*. Setiap kelompok citra sel kanker payudara dilakukan percobaan dengan memvariasikan parameter *threshold* pada proses perhitungan *centroid* pada citra hasil modifikasi *Watershed* dengan *threshold* 24, 28, 32, 36, 40, 44, 48, 52, 56, 60, 65, 70, 75, 80, 85, 90. Setiap perhitungan dalam satu citra dibedakan menjadi sel yang *undersegment*, *oversegment* dan *correct*. Perhitungan sel kanker dibandingkan dengan jumlah sel dalam citra asli dengan citra hasil modifikasi *Watershed*. Proses perhitungan sel dalam citra asli dengan hasil segmentasi yang telah dilakukan proses *Watershed* dihitung dengan cara manual. Hasil akurasi perhitungan jumlah sel yang benar, *undersegment* dan *oversegment* akan dihitung menggunakan *confusion matrix*. Sel yang *correct* dianggap sebagai *true positive*, sedangkan sel yang *undersegment* dianggap sebagai *false positive* serta sel yang *oversegment* dianggap sebagai *false negative*. Proses perhitungan tidak menggunakan nilai *true negative*.

Tabel 5.10 Hasil Pengujian Citra *Malignant Threshold 24*

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	41	4	8	0.774
10	29	19	0	10	0.655
11	32	17	6	9	0.531
12	31	21	5	5	0.677
17	27	22	2	3	0.815
28	38	23	8	7	0.605
35	47	29	2	16	0.617
36	36	20	2	14	0.556
45	40	34	1	5	0.850
50	54	40	4	10	0.741
52	28	24	2	2	0.857
Rata – rata					0.698

Pada Tabel 5.10 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Malignant*. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke-17, data ke-28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke-50 dan data ke-52. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 24* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.531-0.857. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 24* yaitu sebesar 0.698.

Tabel 5.11 Hasil Pengujian Citra *Malignant Threshold 28*

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	42	4	7	0.792
10	29	20	0	9	0.690
11	32	17	6	9	0.531
12	31	21	5	5	0.677
17	27	22	2	3	0.815
28	38	23	8	7	0.605
35	47	28	3	16	0.596
36	36	20	2	14	0.556
45	40	33	2	5	0.825
50	54	40	4	10	0.741
52	28	24	2	2	0.857
	Rata-rata				0.699

Pada Tabel 5.11 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Malignant*. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke-17, data ke-28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke-50 dan data ke-52. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 28* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.531-0.857. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 28* yaitu sebesar 0.699.

Tabel 5.12 Hasil Pengujian Citra *Malignant Threshold 32*

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	43	4	6	0.811
10	29	21	0	8	0.724
11	32	17	6	9	0.531
12	31	22	4	5	0.710
17	27	22	2	3	0.815
28	38	23	8	7	0.605
35	47	28	2	17	0.596
36	36	19	2	15	0.528
45	40	33	2	5	0.825
50	54	40	4	10	0.741
52	28	23	3	2	0.821
	Rata-rata				0.701

Pada Tabel 5.12 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Malignant*. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke-17, data ke-28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke-50 dan data ke-52. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 32* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.528-0.825. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 32* yaitu sebesar 0.701.

Tabel 5.13 Hasil Pengujian Citra *Malignant Threshold 36*

Data Ke	36				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	44	4	5	0.830
10	29	21	0	8	0.724
11	32	17	6	9	0.531
12	31	23	4	4	0.742
17	27	22	2	3	0.815
28	38	25	8	5	0.658
35	47	28	2	17	0.596
36	36	19	2	15	0.528
45	40	33	2	5	0.825
50	54	43	5	9	0.796
52	28	21	5	2	0.750
	Rata-rata				0.709

Pada Tabel 5.13 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Malignant*. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke-17, data ke-28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke-50 dan data ke-52. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 36* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.528-0.830. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 36* yaitu sebesar 0.709.

Tabel 5.14 Hasil Pengujian Citra *Malignant Threshold 40*

Data Ke	40				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	45	4	4	0.849
10	29	21	0	8	0.724
11	32	17	6	9	0.531
12	31	24	4	3	0.774
17	27	23	2	2	0.852
28	38	25	8	5	0.658
35	47	28	2	17	0.596
36	36	19	3	14	0.528
45	40	31	4	5	0.775
50	54	40	5	9	0.741
52	28	21	5	2	0.750
	Rata-rata				0.707

Pada Tabel 5.14 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Malignant*. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke-17, data ke-28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke-50 dan data ke-52. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 40* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.528-0.852. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 40* yaitu sebesar 0.707.

Tabel 5.15 Hasil Pengujian Citra *Malignant Threshold 44*

Data Ke	44				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	46	3	4	0.868
10	29	21	0	8	0.724
11	32	21	6	5	0.656
12	31	24	4	3	0.774
17	27	23	2	2	0.852
28	38	25	8	5	0.658
35	47	28	2	17	0.596
36	36	21	2	13	0.583
45	40	29	6	5	0.725
50	54	40	5	9	0.741
52	28	20	6	2	0.714
	Rata-rata				0.717

Pada Tabel 5.15 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Malignant*. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke-17, data ke-28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke-50 dan data ke-52. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 44* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.583-0.868. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 44* yaitu sebesar 0.717.

Tabel 5.16 Hasil Pengujian Citra *Malignant Threshold 48*

Data Ke	48				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	46	3	4	0.868
10	29	20	0	9	0.690
11	32	20	6	6	0.625
12	31	23	4	4	0.742
17	27	24	1	2	0.889
28	38	24	8	6	0.632
35	47	31	3	13	0.660
36	36	25	1	10	0.694
45	40	29	6	5	0.725
50	54	41	5	8	0.759
52	28	20	6	2	0.714
	Rata-rata				0.727

Pada Tabel 5.16 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Malignant*. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke-17, data ke-28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke-50 dan data ke-52. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 48* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.632-0.889. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 48* yaitu sebesar 0.727.

Tabel 5.17 Hasil Pengujian Citra *Malignant Threshold 52*

Data Ke	52				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	42	7	4	0.792
10	29	20	0	9	0.690
11	32	21	4	7	0.656
12	31	20	9	2	0.645
17	27	22	3	2	0.815
28	38	27	4	7	0.711
35	47	32	4	11	0.681
36	36	34	5	8	0.723
45	40	30	5	5	0.750
50	54	40	8	6	0.741
52	28	21	6	1	0.750
	Rata-rata				0.723

Pada Tabel 5.17 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Malignant*. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke-17, data ke-28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke-50 dan data ke-52. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 52* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.645-0.815. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 52* yaitu sebesar 0.723.

Tabel 5.18 Hasil Pengujian Citra *Malignant Threshold 56*

Data Ke	56				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	43	6	4	0.811
10	29	20	1	8	0.690
11	32	23	2	7	0.719
12	31	21	8	2	0.677
17	27	22	3	2	0.815
28	38	25	8	5	0.658
35	47	34	6	7	0.723
36	36	32	5	10	0.681
45	40	29	7	4	0.725
50	54	37	10	7	0.685
52	28	22	6	0	0.786
	Rata-rata				0.725

Pada Tabel 5.18 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Malignant*. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke-17, data ke-28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke-50 dan data ke-52. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 56* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.658-0.815. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 56* yaitu sebesar 0.725.

Tabel 5.19 Hasil Pengujian Citra *Malignant Threshold 60*

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	44	5	4	0.830
10	29	22	1	6	0.759
11	32	24	2	6	0.750
12	31	21	9	1	0.677
17	27	23	3	1	0.852
28	38	24	11	3	0.632
35	47	33	9	5	0.702
36	36	32	5	10	0.681
45	40	28	9	3	0.700
50	54	37	10	7	0.685
52	28	22	6	0	0.786
	Rata-rata				0.732

Pada Tabel 5.19 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Malignant*. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke-17, data ke-28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke-50 dan data ke-52. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 60* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.632-0.852. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 60* yaitu sebesar 0.732.

Tabel 5.20 Hasil Pengujian Citra *Malignant Threshold 65*

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	39	11	3	0.736
10	29	22	1	6	0.759
11	32	25	4	3	0.781
12	31	19	12	0	0.613
17	27	23	3	1	0.852
28	38	23	12	3	0.605
35	47	36	7	4	0.766
36	36	22	6	8	0.611
45	40	27	9	4	0.675
50	54	41	10	3	0.759
52	28	19	9	0	0.679
	Rata-rata				0.712

Pada Tabel 5.20 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Malignant*. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke-17, data ke-28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke-50 dan data ke-52. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 65* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.605-0.852. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 65* yaitu sebesar 0.712.

Tabel 5.21 Hasil Pengujian Citra *Malignant Threshold 70*

Data Ke	Jumlah Asli				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	40	12	1	0.755
10	29	25	1	3	0.862
11	32	25	7	0	0.781
12	31	18	13	0	0.581
17	27	19	6	2	0.704
28	38	23	13	2	0.605
35	47	28	15	4	0.596
36	36	23	7	6	0.639
45	40	28	11	1	0.700
50	54	38	14	2	0.704
52	28	21	7	0	0.750
	Rata-rata				0.698

Pada Tabel 5.21 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Malignant*. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke17, data ke 28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke-50 dan data ke-52. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 70* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.581-0.862. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 70* yaitu sebesar 0.698.

Tabel 5.22 Hasil Pengujian Citra *Malignant Threshold 70*

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	38	14	1	0.717
10	29	25	2	2	0.862
11	32	24	8	0	0.750
12	31	18	13	0	0.581
17	27	19	6	2	0.704
28	38	22	15	1	0.579
35	47	27	19	1	0.574
36	36	26	5	5	0.722
45	40	26	13	1	0.650
50	54	37	15	2	0.685
52	28	21	7	0	0.750
	Rata-rata				0.689

Pada Tabel 5.22 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Malignant*. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke-17, data ke-28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke-50 dan data ke-52. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 75* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.574-0.862. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 75* yaitu sebesar 0.689.

Tabel 5.23 Hasil Pengujian Citra *Malignant* Threshold 80

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	36	17	0	0.679
10	29	24	3	2	0.828
11	32	22	10	0	0.688
12	31	17	14	0	0.548
17	27	19	7	1	0.704
28	38	22	15	1	0.579
35	47	26	20	1	0.553
36	36	26	9	1	0.722
45	40	27	12	1	0.675
50	54	37	16	1	0.685
52	28	20	8	0	0.714
	Rata-rata				0.670

Pada Tabel 5.23 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Malignant*. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke-17, data ke-28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke-50 dan data ke-52. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold* 80 sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.548-0.828. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold* 80 yaitu sebesar 0.670.

Tabel 5.24 Hasil Pengujian Citra *Malignant Threshold 85*

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	34	19	0	0.642
10	29	22	6	1	0.759
11	32	22	10	0	0.688
12	31	15	16	0	0.484
17	27	19	7	1	0.704
28	38	21	16	1	0.553
35	47	26	20	1	0.553
36	36	28	8	0	0.778
45	40	26	13	1	0.650
50	54	33	20	1	0.611
52	28	15	13	0	0.536
	Rata-rata				0.632

Pada Tabel 5.24 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Malignant*. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke-17, data ke-28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke-50 dan data ke-52. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 85* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.484-0.778. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 85* yaitu sebesar 0.632.

Tabel 5.25 Hasil Pengujian Citra *Malignant* Threshold 90

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	34	19	0	0.642
10	29	21	7	1	0.724
11	32	19	13	0	0.594
12	31	15	16	0	0.484
17	27	18	9	0	0.667
28	38	18	19	1	0.474
35	47	25	21	1	0.532
36	36	27	8	1	0.750
45	40	25	15	0	0.625
50	54	32	22	0	0.593
52	28	14	14	0	0.500
	Rata-rata				0.598

Pada Tabel 5.25 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Malignant*. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke-17, data ke-28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke-50 dan data ke-52. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold* 90 sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.474-0.724. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold* 90 yaitu sebesar 0.598.

Tabel 5.26 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 24*

Data ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	27	10	18	0.491
8	49	41	6	2	0.837
9	36	23	4	9	0.639
13	32	24	0	8	0.750
14	46	32	4	10	0.696
15	61	49	4	8	0.803
25	90	63	11	16	0.700
27	39	23	5	11	0.590
33	53	39	0	14	0.736
47	74	56	3	15	0.757
48	88	66	7	15	0.750
55	61	50	2	9	0.820
56	32	18	5	9	0.563
Rata-rata					0.702

Pada Tabel 5.26 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 13 citra mikroskopis *Benignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 24* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.491-0.837. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 24* yaitu sebesar 0.702.

Tabel 5.27 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 28*

Data ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	29	10	16	0.527
8	49	41	6	2	0.837
9	36	23	7	6	0.639
13	32	24	1	7	0.750
14	46	31	5	10	0.674
15	61	47	5	9	0.770
25	90	59	14	17	0.656
27	39	23	5	11	0.590
33	53	39	14	0	0.736
47	74	56	3	15	0.757
48	88	69	7	12	0.784
55	61	50	2	9	0.820
56	32	18	5	9	0.563
	Rata-rata				0.700

Pada Tabel 5.27 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 13 citra mikroskopis *Benignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 28* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.527-0.837. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 28* yaitu sebesar 0.700.

Tabel 5.28 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 32*

Data ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	29	11	15	0.527
8	49	38	5	6	0.776
9	36	23	8	5	0.639
13	32	25	1	6	0.781
14	46	31	5	10	0.674
15	61	45	6	10	0.738
25	90	59	13	18	0.656
27	39	23	6	10	0.590
33	53	38	13	2	0.717
47	74	56	3	15	0.757
48	88	70	7	11	0.795
55	61	48	4	9	0.787
56	32	18	5	9	0.563
	Rata-rata				0.692

Pada Tabel 5.28 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 13 citra mikroskopis *Benignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 32* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.527-0.795. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 32* yaitu sebesar 0.692.

Tabel 5.29 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 36*

Data ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	29	11	15	0.527
8	49	39	4	6	0.796
9	36	26	7	3	0.722
13	32	23	3	6	0.719
14	46	32	4	10	0.696
15	61	46	6	9	0.754
25	90	59	14	17	0.656
27	39	24	7	8	0.615
33	53	34	5	14	0.642
47	74	56	3	15	0.757
48	88	64	13	11	0.727
55	61	49	4	8	0.803
56	32	18	5	9	0.563
	Rata-rata				0.690

Pada Tabel 5.29 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 13 citra mikroskopis *Benignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 36* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.527-0.803. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 36* yaitu sebesar 0.690.

Tabel 5.30 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 40*

Data ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	27	12	16	0.491
8	49	39	6	4	0.796
9	36	24	10	2	0.667
13	32	22	5	5	0.688
14	46	33	7	6	0.717
15	61	47	6	8	0.770
25	90	62	14	14	0.689
27	39	24	7	8	0.615
33	53	38	3	12	0.717
47	74	56	3	15	0.757
48	88	63	18	7	0.716
55	61	49	4	8	0.803
56	32	21	5	8	0.656
	Rata-rata				0.698

Pada Tabel 5.30 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel-sel dalam citra antara citra asli dengan citra hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 11 citra mikroskopis *Benignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold* 80 sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh dengan rentang akurasi 0.491-0.803. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold* 80 yaitu sebesar 0.698.

Tabel 5.31 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 44*

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	25	16	14	0.455
8	49	38	7	4	0.776
9	36	20	13	3	0.556
13	32	23	5	4	0.719
14	46	35	8	3	0.761
15	61	49	7	5	0.803
25	90	61	14	15	0.678
27	39	24	7	8	0.615
33	53	34	7	12	0.642
47	74	57	3	14	0.770
48	88	60	22	6	0.682
55	61	47	8	6	0.770
56	32	19	5	8	0.594
	Rata-rata				0.678

Pada Tabel 5.31 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 44* menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 13 citra mikroskopis *Malignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 44* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.455-0.803. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 44* yaitu sebesar 0.678.

Tabel 5.32 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold* 48

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	22	13	15	0.440
8	49	37	8	4	0.755
9	36	15	18	3	0.417
13	32	21	6	5	0.656
14	46	35	8	3	0.761
15	61	44	8	9	0.721
25	90	57	20	13	0.633
27	39	22	9	8	0.564
33	53	34	8	11	0.642
47	74	55	7	12	0.743
48	88	53	23	12	0.602
55	61	43	10	8	0.705
56	32	20	7	5	0.625
	Rata-rata				0.636

Pada Tabel 5.32 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold* 48 menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 13 citra mikroskopis *Malignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold* 48 sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.417-0.761. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold* 48 yaitu sebesar 0.636.

Tabel 5.33 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 52*

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	25	16	9	0.500
8	49	35	10	4	0.714
9	36	15	18	3	0.417
13	32	18	12	2	0.563
14	46	33	12	1	0.717
15	61	44	10	7	0.721
25	90	56	25	9	0.622
27	39	22	11	6	0.564
33	53	32	9	12	0.604
47	74	45	14	15	0.608
48	88	49	31	8	0.557
55	61	43	11	7	0.705
56	32	18	9	5	0.563
	Rata-rata				0.604

Pada Tabel 5.33 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 52* menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 13 citra mikroskopis *Benignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 52* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.417-0.721. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 52* yaitu sebesar 0.604.

Tabel 5.34 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 56*

Data ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	24	21	5	0.480
8	49	34	13	2	0.694
9	36	16	17	2	0.457
13	32	20	12	1	0.606
14	46	34	11	1	0.739
15	61	43	15	3	0.705
25	90	54	29	7	0.600
27	39	21	13	5	0.538
33	53	30	11	12	0.566
47	74	47	19	8	0.635
48	88	50	34	4	0.568
55	61	40	15	6	0.656
56	32	18	11	3	0.563
Rata-rata					0.601

Pada Tabel 5.34 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 56* menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 13 citra mikroskopis *Benignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 56* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.457-0.739. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 56* yaitu sebesar 0.601.

Tabel 5.35 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 60*

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	21	24	5	0.420
8	49	35	15	0	0.700
9	36	15	18	2	0.429
13	32	15	17	1	0.455
14	46	32	13	1	0.696
15	61	40	18	3	0.656
25	90	55	28	7	0.611
27	39	19	15	5	0.487
33	53	33	10	10	0.623
47	74	46	20	8	0.622
48	88	45	38	5	0.511
55	61	40	16	5	0.656
56	32	16	14	2	0.500
	Rata-rata				0.566

Pada Tabel 5.35 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 60* menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 13 citra mikroskopis *Benignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 60* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.420-0.700. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 60* yaitu sebesar 0.566.

Tabel 5.36 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 65*

Data ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	29	25	1	0.527
8	49	36	13	0	0.735
9	36	21	14	1	0.583
13	32	13	19	0	0.406
14	46	29	18	1	0.630
15	61	42	19	0	0.689
25	90	61	26	3	0.678
27	39	21	15	3	0.538
33	53	29	16	8	0.547
47	74	58	14	2	0.784
48	88	44	42	2	0.500
55	61	41	18	2	0.672
56	32	19	12	1	0.594
	Rata-rata				0.606

Pada Tabel 5.36 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 65* menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 13 citra mikroskopis *Benignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 65* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.406-0.784. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 65* yaitu sebesar 0.606.

Tabel 5.37 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 70*

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	27	27	1	0.491
8	49	27	22	0	0.551
9	36	20	15	1	0.556
13	32	9	23	0	0.281
14	46	21	25	0	0.457
15	61	41	20	0	0.672
25	90	62	26	2	0.689
27	39	22	16	1	0.564
33	53	32	18	3	0.604
47	74	42	30	2	0.568
48	88	37	49	2	0.420
55	61	41	19	1	0.672
56	32	19	12	1	0.594
	Rata-rata				0.548

Pada Tabel 5.37 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 70* menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 13 citra mikroskopis *Benignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 70* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.281-0.689. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 70* yaitu sebesar 0.548.

Tabel 5.38 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 75*

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	26	29	0	0.473
8	49	24	25	0	0.490
9	36	21	15	0	0.583
13	32	7	25	0	0.219
14	46	24	22	0	0.522
15	61	40	21	0	0.656
25	90	54	36	0	0.600
27	39	17	22	0	0.436
33	53	31	20	2	0.585
47	74	43	29	2	0.581
48	88	38	50	0	0.432
55	61	40	21	0	0.656
56	32	19	12	1	0.594
	Rata-rata				0.525

Pada Tabel 5.38 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 75* menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 13 citra mikroskopis *Benignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 75* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.219-0.656. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 75* yaitu sebesar 0.525.

Tabel 5.39 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 80*

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	22	33	0	0.400
8	49	24	25	0	0.490
9	36	21	15	0	0.583
13	32	8	24	0	0.250
14	46	20	26	0	0.435
15	61	30	31	0	0.492
25	90	50	40	0	0.556
27	39	14	25	0	0.359
33	53	27	24	2	0.509
47	74	40	33	1	0.541
48	88	34	54	0	0.386
55	61	38	23	0	0.623
56	32	16	15	1	0.500
	Rata-rata				0.471

Pada Tabel 5.39 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 80* menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 13 citra mikroskopis *benignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 80* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.250-0.623. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 80* yaitu sebesar 0.471.

Tabel 5.40 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 85*

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	18	37	0	0.327
8	49	22	27	0	0.449
9	36	17	19	0	0.472
13	32	4	28	0	0.125
14	46	16	30	0	0.348
15	61	25	36	0	0.410
25	90	48	42	0	0.533
27	39	14	25	0	0.359
33	53	31	21	1	0.585
47	74	38	35	1	0.514
48	88	29	59	0	0.330
55	61	36	25	0	0.590
56	32	10	21	1	0.313
	Rata-rata				0.412

Pada Tabel 5.40 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 85* menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 13 citra mikroskopis *Benignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 85* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.125-0.590. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 85* yaitu sebesar 0.412.

Tabel 5.41 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 90*

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	16	39	0	0.291
8	49	22	27	0	0.449
9	36	14	22	0	0.389
13	32	7	25	0	0.219
14	46	17	29	0	0.370
15	61	27	34	0	0.443
25	90	41	49	0	0.456
27	39	3	13	0	0.077
33	53	28	24	1	0.528
47	74	37	37	0	0.500
48	88	28	60	0	0.318
55	61	34	27	0	0.557
56	32	9	22	1	0.281
	Rata-rata				0.375

Pada Tabel 5.41 Hasil Pengujian Citra *Benignant Threshold 90* menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan modifikasi *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 13 citra mikroskopis *Benignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh dengan menggunakan nilai *threshold 90* sebagai nilai ambang batas jarak antar dua *centroid* yang digunakan pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.219-0.557. Sedangkan untuk mean akurasi pada *threshold 90* yaitu sebesar 0.375.

Hasil akurasi pada proses pemisahan sel bertumpuk menggunakan *Watershed* pada citra mikroskopis sel kanker payudara tipe *Benignant* mencapai nilai rata-rata terbaik sebesar 0.732139 pada nilai *threshold* 60. Sedangkan untuk tipe *Benignant* mencapai nilai rata-rata terbaik sebesar 0.7023030 pada nilai *threshold* 24. Citra tipe *Benignant* mencapai nilai *threshold* lebih kecil dibanding nilai *threshold* tipe *Malignant*. karena bentuk sel *Benignant* memiliki bentuk citra sel yang sangat berdekatan antara satu sel dengan sel yang lain dengan bentuk sel yang umumnya kecil. Sedangkan citra tipe *Malignant* memiliki bentuk citra sel yang umumnya berjauhan antara satu sel dengan sel yang lain dengan bentuk sel yang umumnya cenderung lebih besar.

Tabel 5.42 Hasil Rata-rata Akurasi Modifikasi *Watershed*

Threshold	Rata-rata Akurasi Modifikasi <i>Watershed</i>	
	<i>malignant</i>	<i>benignantt</i>
24	0.698	0.702
28	0.699	0.700
32	0.701	0.692
36	0.709	0.690
40	0.707	0.699
44	0.717	0.678
48	0.727	0.636
52	0.723	0.604
56	0.725	0.601
60	0.732	0.557
65	0.712	0.606
70	0.698	0.548
75	0.689	0.525
80	0.670	0.471
85	0.632	0.412
90	0.598	0.375

Tabel 5.43 Hasil Pengujian *Watershed* Citra *Benignant*

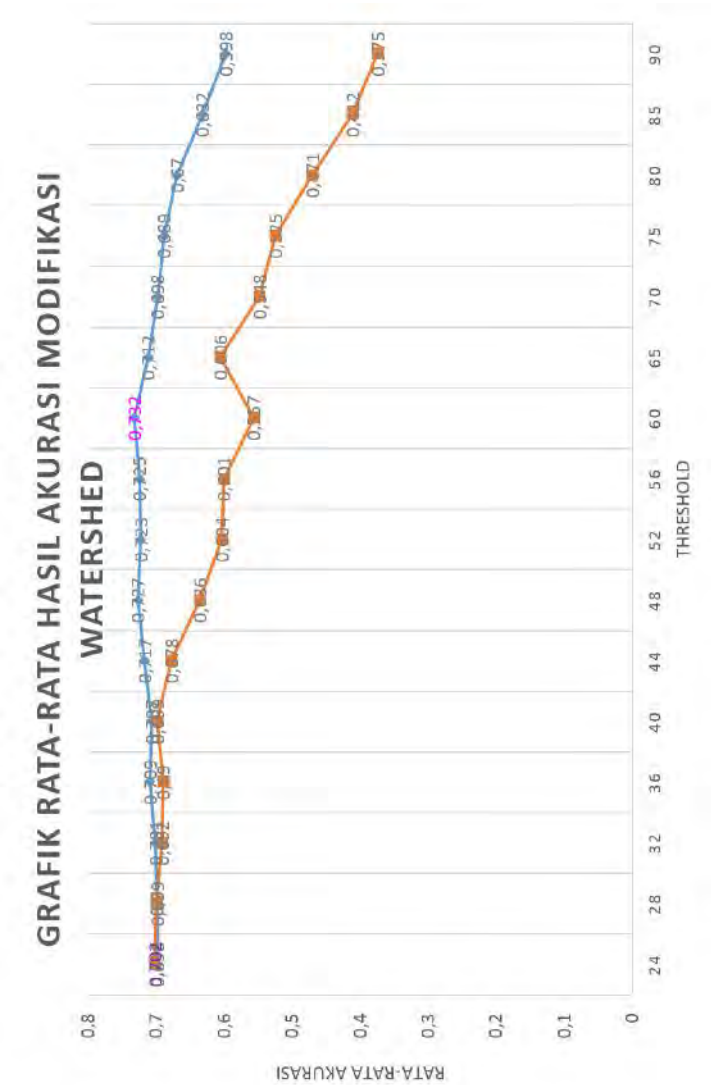
Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
2	55	33	4	18	0.600
8	49	40	2	7	0.816
9	36	23	3	10	0.639
13	32	25	1	6	0.781
14	46	33	3	10	0.717
15	61	45	5	11	0.738
25	90	59	14	17	0.656
27	39	25	4	10	0.641
33	53	38	0	15	0.717
47	74	53	4	17	0.716
48	88	59	11	18	0.670
55	61	47	3	11	0.770
56	32	19	5	8	0.594
	Rata-rata				0.697

Pada Tabel 5.43 Hasil Pengujian *Watershed* Citra *Benignant* menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan *Watershed*. Jumlah citra yang digunakan dalam proses perhitungan yaitu 13 citra mikroskopis *Benignant*. Ketiga belas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.594-0.816. Sedangkan untuk mean akurasi pada proses pemisahan sel bertumpuk menggunakan *Watershed* yaitu sebesar 0.697. Nilai rata-rata akurasi *Benignant* masih kurang daripada hasil rata-rata hasil modifikasi *Watershed*.

Tabel 5.44 Hasil Pengujian *Watershed* Citra *Malignant*

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	akurasi
5	53	46	2	5	0.868
10	29	17	0	12	0.586
11	32	17	4	11	0.531
12	31	22	4	5	0.710
17	27	22	1	4	0.815
28	38	22	8	8	0.579
35	47	28	2	17	0.596
36	36	21	0	15	0.583
45	40	33	0	7	0.825
50	54	39	5	10	0.722
52	28	20	4	4	0.714
	Rata-rata				0.684

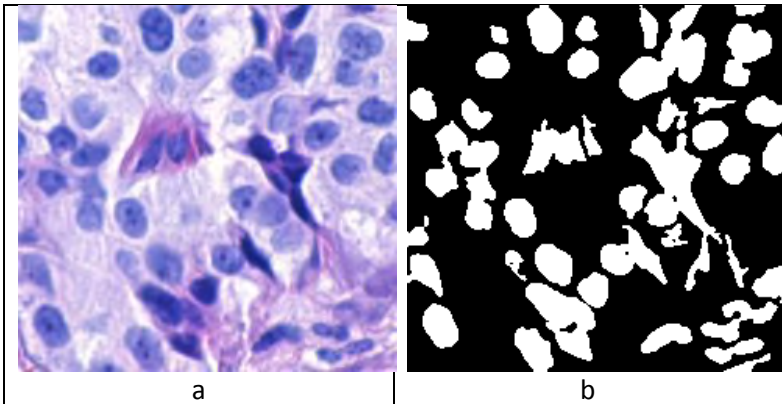
Pada Tabel 5.44 Hasil Pengujian *Watershed* Citra *Malignant* menunjukkan nilai hasil perhitungan secara manual dengan membandingkan sel antara citra asli dengan hasil setelah dilakukan metode pemisahan dengan *Watershe*. Citra yang digunakan ada 11 citra *malignanat*. Kesebelas data tersebut dipilih berdasarkan hasil pengamatan citra yang mudah digunakan dalam proses perhitungan. Adapun data yang digunakan ialah data ke-5, data ke-10, data ke-12, data ke17, data ke 28, data ke-35, data ke-36, data ke-45, data ke -50 dan data ke-52. Citra yang mudah dihitung adalah citra yang benar-benar dapat diamati dengan jelas keberadaan sel dalam citra. Nilai akurasi yang diperoleh pada proses perhitungan *centroid* diperoleh rentang akurasi 0.531-0.868. Sedangkan untuk mean akurasi pada pada proses pemisahan sel bertumpuk menggunakan *Watershed* yaitu sebesar 0.684. Nilai rata-rata akurasi *Malignant* masih kurang daripada hasil rata-rata hasil modifikasi *Watershed*.



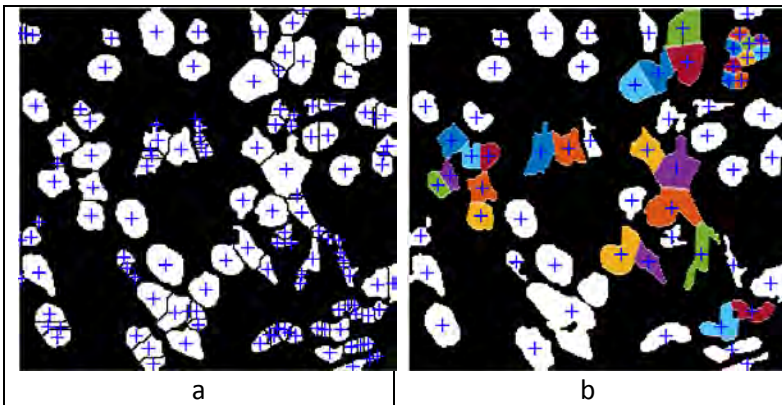
Gambar 5.7 Grafik Rata-Rata Hasil Akurasi Modifikasi
Watershed

5.3.4 Hasil Analisis dan Output Uji coba Proses Segmentasi

- 1) Hasil output proses segmentasi FCM dan modifikasi *Watershed* yang sudah tercluster gambar citra ke-50.

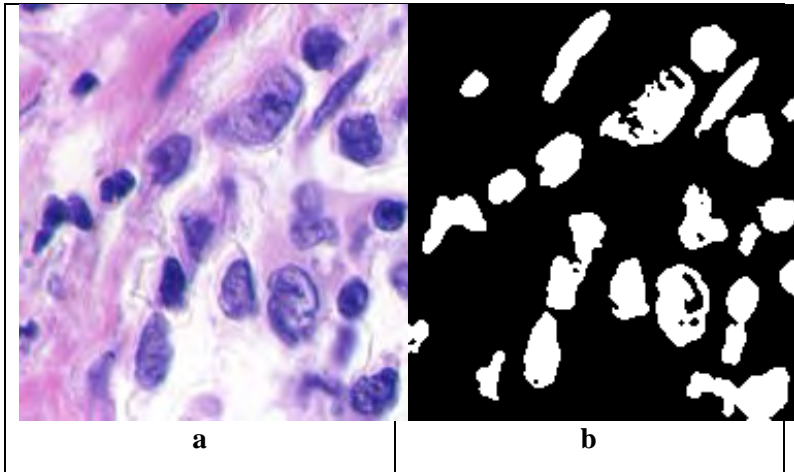


Gambar 5.8 a. Gambar Citra Asli (50), b. Gambar Citra Segmentasi FCM (50)

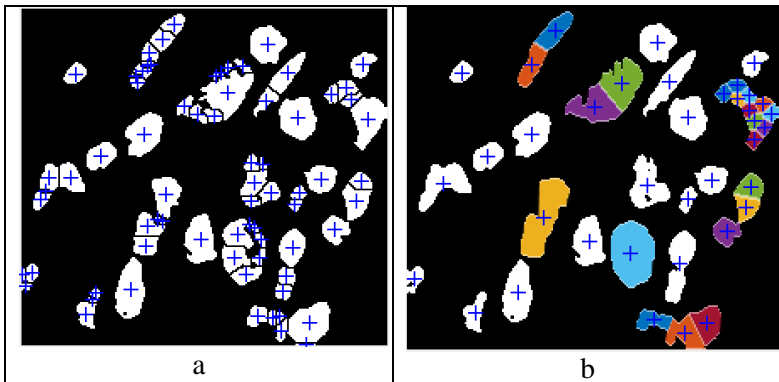


Gambar 5.9 a. Gambar Citra Watershed (50), b. Gambar Citra Modifikasi Watershed (50)

- 2) Hasil output proses segmentasi FCM dan modifikasi *Watershed* yang sudah tercluster gambar citra ke-11.

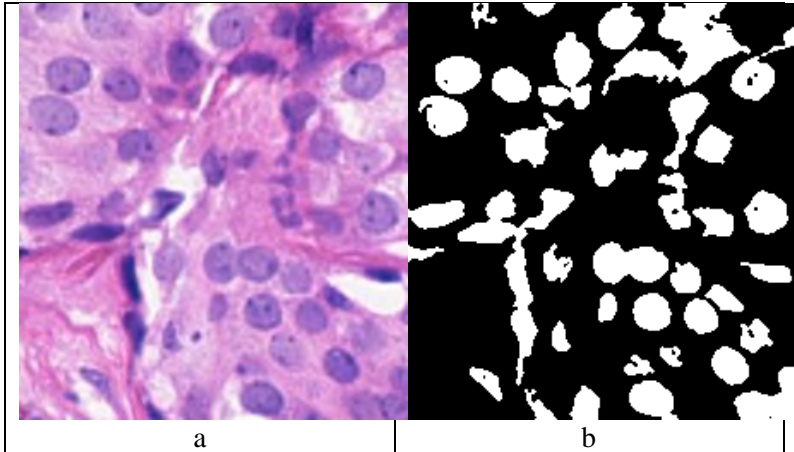


Gambar 5.10 a. Gambar Citra Asli (11), b. Gambar Citra Segmentasi FCM (11)

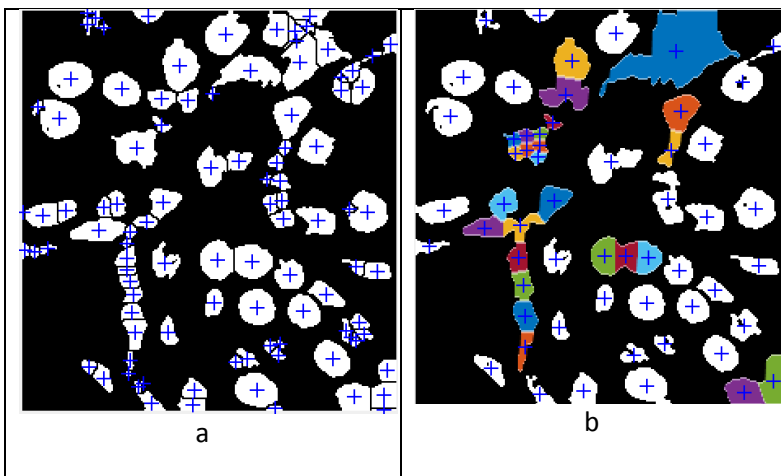


Gambar 5.11 a. Gambar Citra Watershed (11), b. Gambar Citra Modifikasi Watershed (11)

- 3) Hasil output proses segmentasi FCM dan modifikasi *Watershed* yang sudah tercluster gambar citra ke-5.



Gambar 5.12 a. Gambar Citra Asli (5), b. Gambar Citra Segmentasi FCM (5)



Gambar 5.13 a. Gambar Citra Watershed (5), b. Gambar Citra Modifikasi Watershed (5)

Tabel 5.45 Hasil Akurasi Watershed Sebelum Modifikasi

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	34	2	17	0.642
11	32	15	0	17	0.469
50	54	29	1	24	0.537
Rata – rata					0.549

Tabel 5.46 Hasil Akurasi Setelah Modifikasi Watershed dan Cluster

Data Ke	Jumlah Sel				
	Asli	<i>correct</i>	<i>under</i>	<i>over</i>	Akurasi
5	53	43	6	4	0.811
11	32	23	5	4	0.718
50	54	42	7	5	0.778
Rata – rata					0.769

Dari ketiga gambar citra ke-50, ke-11 dan ke-5 dilakukan perhitungan akurasi berdasarkan letak *centroid* yang sudah dikelompokkan. Dari Tabel 5.45 dapat dilihat hasil akurasi paling baik pada citra ke-5. Sedangkan pada Tabel 5.46 dapat dilihat hasil akurasi paling baik pada citra ke-5. Hasil modifikasi *Watershed* yang telah di *cluster* menunjukkan hasil yang lebih baik ketimbang hasil *Watershed*. Dikarenakan dengan modifikasi *Watershed* sel yang *oversegment* dapat diminimalisir akibat perbaikan dengan perhitungan jarak *error* dan pengelompokan dengan *K-Means*.

BAB VI

KESIMPULAN DAN SARAN

Bab ini membahas mengenai kesimpulan yang dapat diambil dari tujuan pembuatan perangkat lunak dan hasil uji coba yang telah dilakukan sebagai jawaban dari rumusan masalah yang dikemukakan. Selain kesimpulan, terdapat pula saran yang ditujukan untuk pengembangan penelitian lebih lanjut.

6.1 Kesimpulan

Dari hasil uji coba yang telah dilakukan, dapat diambil kesimpulan sebagai berikut:

1. Penggunaan metode *Fuzzy C-Means* sebagai metode proses segmentasi pada citra mikroskopis sel kanker payudara pada kelompok citra *Malignant*, tersegmentasi dengan rata-rata index ZSI 0.72 dan akurasi sebesar 0.84.
2. Penggunaan metode *Fuzzy C-Means* sebagai metode proses segmentasi pada citra mikroskopis sel kanker payudara pada kelompok citra *Benignant*, tersegmentasi dengan rata-rata index ZSI yaitu 0.77 dan akurasi 0.91.
3. Pada proses pemisahan sel bertumpuk menggunakan modifikasi *Watershed* dilakukan perhitungan secara manual didapatkan nilai akurasi tertinggi pada *threshold* 24 untuk dataset kelompok *Benignant* dengan nilai akurasi yaitu 0.702.
4. Pada proses pemisahan sel bertumpuk menggunakan modifikasi *Watershed* dilakukan perhitungan secara manual didapatkan nilai akurasi tertinggi pada *threshold* 60 untuk dataset kelompok *Malignant* dengan nilai akurasi yaitu 0.732.
5. Hasil segmentasi citra *Benignant* lebih tinggi daripada citra *Malignant* disebabkan adanya perbedaan warna pada citra. Citra *Benignant* pada *background* dan objek umumnya terlihat berbeda. Sedangkan untuk citra *Malignant* terdapat citra yang warna *background* dan objeknya sama. Sehingga

background yang seharusnya tersegmentasi menjadi *background* tersegmentasi menjadi objek.

6. Hasil pemisahan sel bertumpuk menggunakan *Watershed* pada citra *Benignant* lebih kecil daripada citra *Malignant* disebabkan karena bentuk sel dalam citra mikroskopis sel kanker payudara tipe *Benignant* cenderung memiliki ukuran sel yang lebih kecil dan jarak antar sel yang berdekatan daripada citra tipe *Malignant* yang umumnya jarak antar sel berjauhan dan berukuran lebih besar daripada citra tipe *Benignant*.
7. Hasil modifikasi metode *Watershed* cenderung lebih baik dibandingkan dengan hasil tanpa modifikasi *Watershed*. Hal ini disebabkan banyaknya sel yang terdeteksi lebih dari satu.
8. Pada hasil modifikasi *Watershed* terdapat *centroid* yang bergabung karena proses pembentukan *centroid* yang baru akibat jarak *threshold*.

6.2 Saran

Saran yang diberikan untuk pengembangan penelitian segmentasi dan pemisahan sel bertumpuk pada citra mikroskopis sel kanker payudara ini :

1. Perlu adanya perbaikan atau modifikasi pada preproses segmentasi agar dapat mendeteksi citra mikroskopis sel kanker payudara dengan tepat.
2. Diperlukan parameter yang lebih sesuai untuk memisahkan sel bertumpuk.
3. Proses pemisahan sel bertumpuk perlu dilakukan suatu metode yang benar benar dapat memisahkan sel bertumpuk tersebut.

DAFTAR PUSTAKA

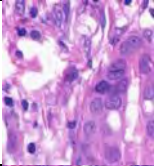


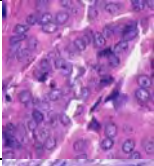
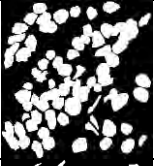
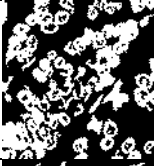
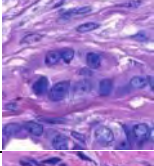


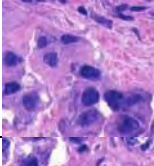

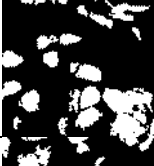
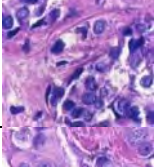

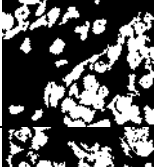
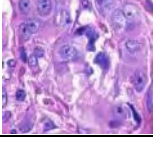
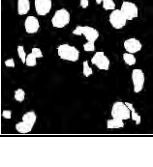

- [1] I. Nurlaila dan M. Hadi, “Kanker: Pertumbuhan, Terapi dan Nanomedis,” *Nanoteknologi Indonesia*, [Online]. Available: <http://www.nano.lipi.go.id/utama.cgi?artikel&1187593839>. [Diakses 29 Desember 2015].
- [2] L. Anggorowati, “Faktor Risiko Kanker Payudara Wanita,” *Jurna Kesehatan Masyarakat*, pp. 121-126, 2013.
- [3] wikipedia, “Kanker payudara,” [Online]. Available: https://id.wikipedia.org/wiki/Kanker_payudara. [Diakses April 2016].
- [4] N. AINI, A Hybrid Region-Based Active Countour and Bayesian Method for Segmentation and Separating Overlapped Nuclei of Microscopic Breast Cancer Cell Images, Surabaya, 2015.
- [5] R. H. a. E. B. Braiek, “Color image segmentation using multi-level thresholding approach and data fusion techniques: application in the breast cancer cells images,” *EURASIP Journal on Image and Video Processing*, 2012.
- [6] “Center for Bio-Image Informatics,” 2016. [Online]. Available: <http://bioimage.ucsb.edu/>. [Diakses April 2016].
- [7] A. Sanmorino, “Clustering Batik Images using Fuzzy C-Means Algorithm Based on Log-Average Luminance,” *Computer Engineering and Applications*, vol. 1, 2012.
- [8] A. A. S. I. C. Sutrisno, “Implementasi Teknik Watershed dan Morfologi Pada Citra Satelit Untuk Segmentasi Area Universitas Brawijaya,” *Jurnal Teknologi Informasi dan Ilmu Komputer (JTIIK)*, vol. 1, pp. 5-13, 2014.
- [9] F. A. N. d. S. W. Purnami, “Analisis Diagnosis Pasien Kanker Payudara Menggunakan Regresi Logistik dan Support Vector MACHine (SVM) Berdasarkan Hasil Mamografi,” *JURNAL SAINS DAN SENI ITS*, vol. 1, 2012.

- [10] Wikipedia, "Kanker Payudara," [Online]. Available: https://id.wikipedia.org/wiki/Kanker_payudara#Klasifikasi.. [Diakses may 2016].
- [11] "Pengertian Citra Digital, Pengolahan Citra, Warna Pada Citra Digital Dan Citra Biner," Mahir Ilmu Teknik Informatika, [Online]. Available: <http://wetom.blogspot.com/2015/11/5.html>. [Diakses 29 December 2015].
- [12] C. N. Santi, "Mengubah Citra Berwarna menjadi Grayscale dan Citra Biner," *Jurna Teknologi Informasi DINAMIK*, vol. 16, pp. 14-19, 2010.
- [13] M. A. M. d. M. Achmad Noercholis, "Ekstraksi Fitur Roundness untuk Menghitung Jumlah Leukosit dalam Citra Sel Darah Ikan," *Jurnal EECCIS*, vol. 7, pp. 35 - 40, 2013.
- [14] I. A. F. T. B. C. A. G. a. G. W. HORGAN, *Image Analysis for the Biological*, Wiley, 1995.
- [15] S. S. Nuryadin, *Analisis Filtering Citra dengan Metode Mean Filter dan Median Filter*..
- [16] M. D. E. Susanti, *Segmentasi Nukleus dan Sitoplasma Pada Citra Smear Serviks dengan Menggunakan Kombinasi Metode Fuzzy C-Means Clustering dan Radiating Gradient Vektor Flow Snake*, Surabaya, 2015.
- [17] H. S. d. M. S. Ahmad Mauliyadi M, "Perbandingan Metode Fuzzy C-Means (FCM) dan Fuzzy Gustafson-Kessel (FGK) Menggunakan Data Citra Satelit," *Jurnal Matematika*, pp. 01-05, 2013.
- [18] J.-S. R. J. a. N. Gulley, *MATLAB Fuzzy Logic Toolbox*.
- [19] D. J. Wei Zhang, "The Marker-Based Watershed Segmentation Algorithm of Ore Image," *IEEE*, pp. 472-474, 2011.
- [20] R. Adipranata, "Kombinasi Metode Morphological Gradient dan Transformasi Watershed pada Proses Segmentasi Citra Digital".

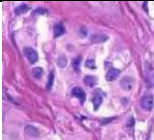


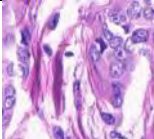


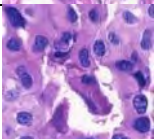

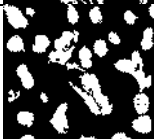
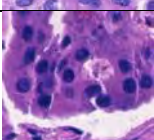
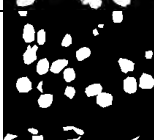

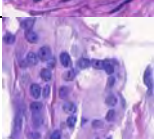


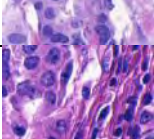


- [21] X. W. J. T. Pengwei Wang, "Watershed Segmentation Based on Multiscale Morphological Fusion," *2006 IEEE*, 2006.
- [22] D. G. K. K. a. S. C. R. Prasanna G. Shete, "Estrogen Receptor (ER) Cell Detection in Breast Cancer Using Modified Watershed Algorithm".
- [23] M. K. R. S. P. Eka Prakarsa Mandyartha, "Identifikasi Sel Darah Merah Bertumpuk Menggunakan Pohon Keputusan Fuzzy Berbasis Gini Index," *Jurnal Buana Informatika*, vol. 6, pp. 51-62, 2015.
- [24] M. E. Celebi, Development of Algorithm for Dermoscopy Image Analysis, Texas, 2006.
- [25] A. Iqbal, "Segmentasi Citra Biner Menggunakan Algoritma Connected Component Labeling," wordpress, 2 july 2014. [Online]. Available: <https://salamilmu.wordpress.com/author/salamilmu/>. [Diakses 24 05 2016].
- [26] wikipedia, "K-Means," wiki, 23 juni 2016. [Online]. Available: <https://id.wikipedia.org/wiki/K-means>. [Diakses 11 juli 2016].
- [27] S. M. I. B. M. D. Alex P. Zijdenbos, "Morphometric Analysis of White Matter Lesions in MR Images: Method and Validation," *IEEE TRANSACTIONS ON MEDICAL IMAGING*, vol. 13, pp. 716-724, 1994.
- [28] E. B. B. Rafika HARRABI, "Color Image Segmentation Using a Modified Fuzzy C-Means Technique and different color spaces: Application in the BreastCancer Cells Images," *1st International Conference on Advanced Technologies for Signal and Image Processing - ATSIP'2014*, pp. 231-236, 2014.

LAMPIRAN

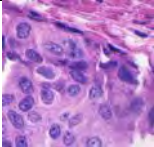

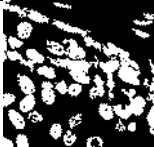
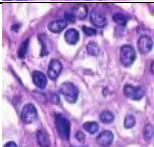

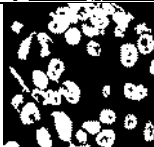
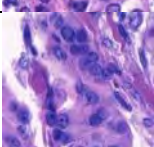


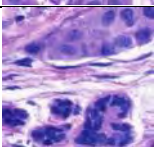


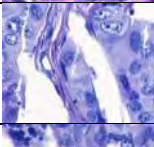


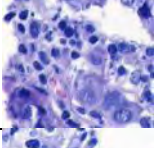
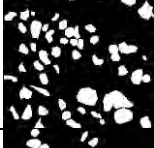
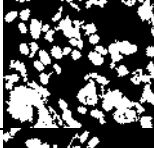
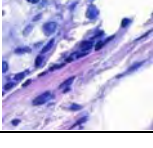


Tabel 8.1 Rekap Hasil Percobaan Segmentasi FCM *Malignant*

Data ke	Citra Asli	Citra <i>Ground truth</i>	Hasil Segmentasi
4			
6			
16			
17			
18			
22			

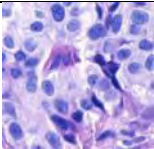
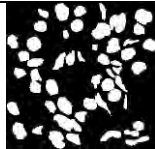

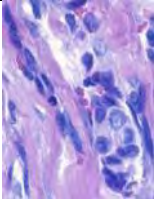


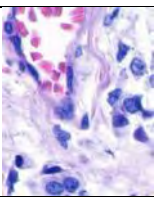


Tabel 8.2 Rekap Hasil Percobaan Segmentasi FCM *Malignant* (lanjutan)

Data ke	Citra Asli	Citra <i>Ground truth</i>	Hasil Segmentasi
23			
24			
28			
29			
30			
34			

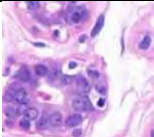


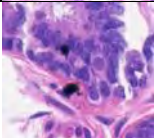


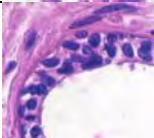


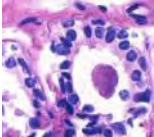


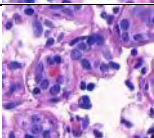

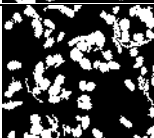
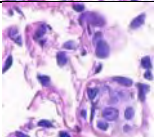


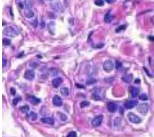

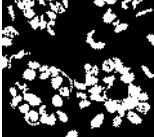
Tabel 8.3 Rekap Hasil Percobaan Segmentasi FCM *Malignant* (lanjutan)

Data ke	Citra Asli	Citra <i>Ground truth</i>	Hasil Segmentasi
35			
36			
39			
40			
44			
45			
46			

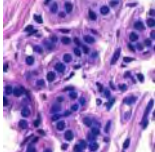
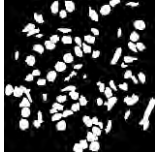

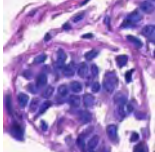


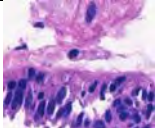


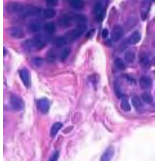


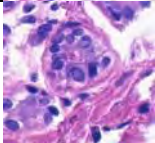

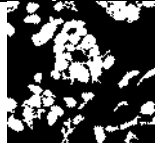
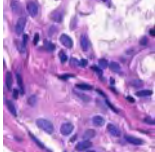
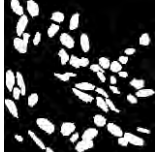

Tabel 8.4 Rekap Hasil Percobaan Segmentasi *Malignant* (lanjutan)

Data ke	Citra Asli	Citra <i>Ground truth</i>	Hasil Segmentasi
50			
51			
52			

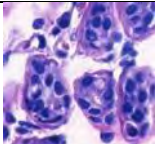
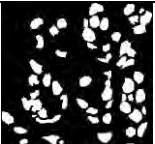

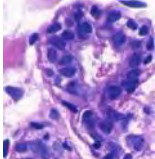





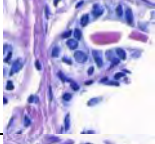


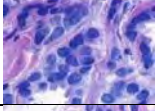


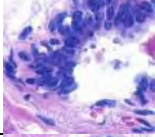


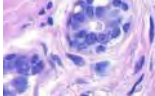


Tabel 8.5 Rekap Hasil Percobaan Segmentasi *Benignant*

Data ke	Citra Asli	Citra <i>Ground truth</i>	Hasil Segmentasi
1			
3			
13			
15			
19			
20			
21			

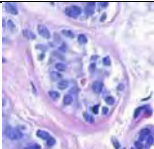
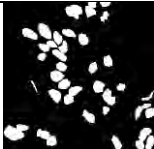
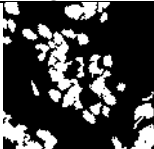
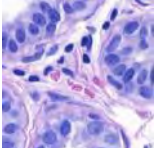


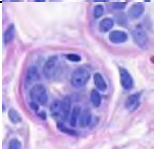


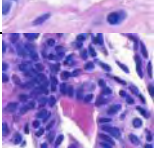
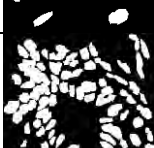

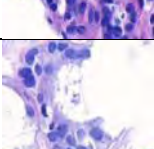


Tabel 8.6 Rekap Hasil Percobaan Segmentasi *Benignant* (lanjutan)

Data ke	Citra Asli	Citra <i>Ground truth</i>	Hasil Segmentasi
25			
26			
27			
31			
32			
33			

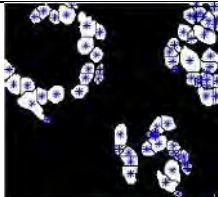
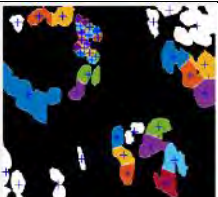
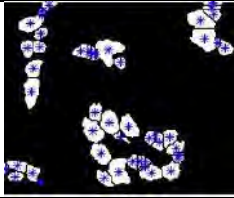



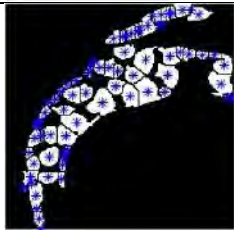
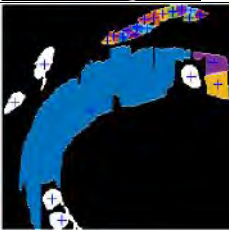
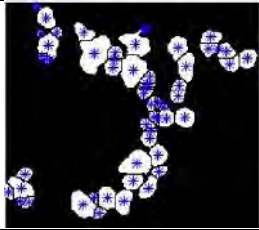

Tabel 8.7 Rekap Hasil Percobaan Segmentasi *Benignant* (lanjutan)

Data ke	Citra Asli	Citra <i>Ground truth</i>	Hasil Segmentasi
37			
38			
41			
42			
43			
49			
53			

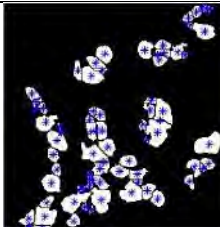
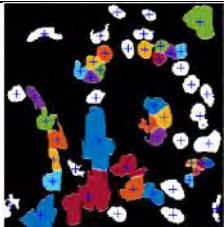
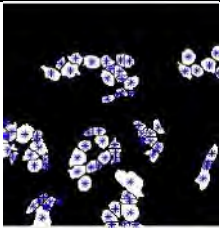

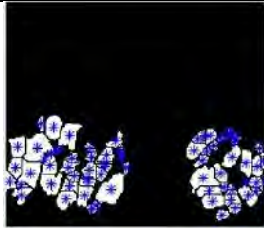

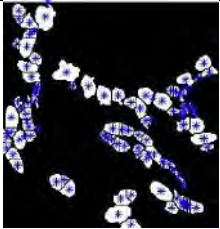

Tabel 8.8 Rekap Hasil Percobaan Segmentasi *Benignant* (lanjutan)

Data ke	Citra Asli	Citra <i>Ground truth</i>	Hasil Segmentasi
54			
55			
56			
57			
58			



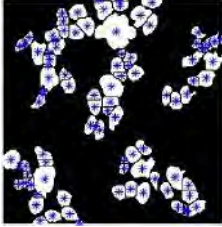

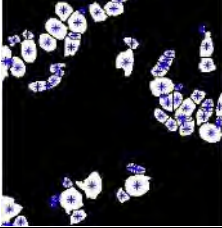

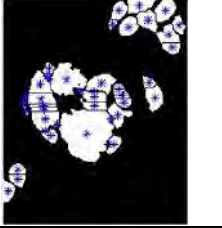

Tabel 8.9 Rekap Hasil Modifikasi Watershed Benignant

Data ke	Watershed	Modifikasi
2		
8		
9		
13		
14		

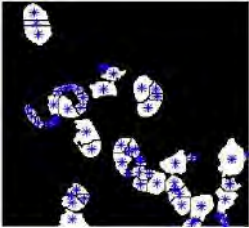

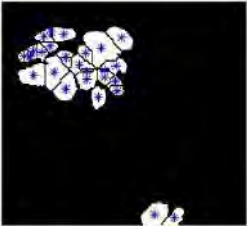

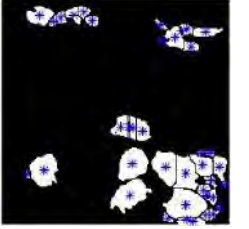
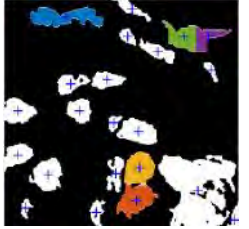
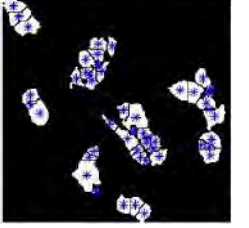
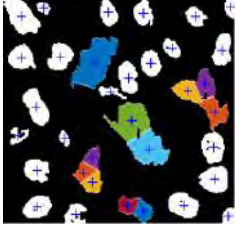
Tabel 8.10 Rekap Hasil Modifikasi Watershed *Benignant* (lanjutan)

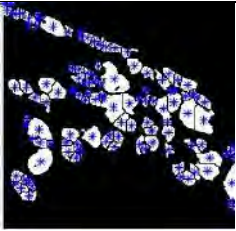
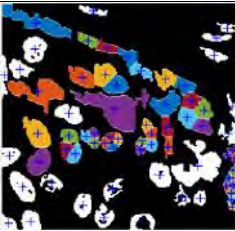
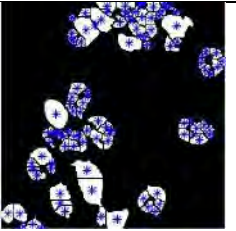
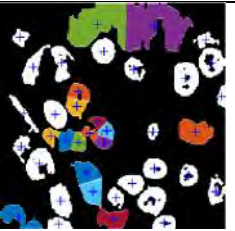
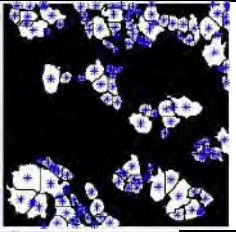


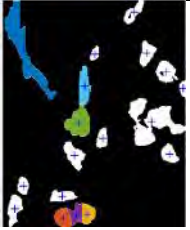
Data Ke	watershed	Modifikasi
15		
25		
27		
33		

Tabel 8.11 Rekap Hasil Modifikasi Watershed Benignanat (lanjutan)

Data	watershed	modifikasi
47		
48		
55		
56		

Tabel 8.12 Rekap Hasil Modifikasi Watershed Malignant

Data Ke	watershed	Modifikasi
10		
12		
17		
28		

Data Ke	watershed	Modifikasi
35		
36		
45		
52		

BIODATA PENULIS



Lubna Nur A'ini. lahir di Semarang pada tanggal 17 Maret 1994. Penulis menempuh pendidikan mulai dari TK Al-Azhar 18 Cilacap (2000). SD Islam Al-Azhar 16 Cilacap (2000-2006). SMPN 1 Cilacap (2006-2009). SMAN 1 Cilacap (2009-2012). dan sekarang sedang menjalani pendidikan S1 Teknik Informatika di ITS. Penulis aktif dalam organisasi Himpunan Mahasiswa Teknik Computer (HMTC). Diantaranya adalah menjadi staff departemen dalam negeri himpunan mahasiswa teknik computer ITS 2013-2014. Penulis juga aktif dalam kegiatan kepanitiaan Schematics. Diantaranya penulis pernah menjadi staff NST 2013 dan 2014. Penulis mengambil bidang minat Komputasi Cerdas dan Visi (KCV). Komunikasi dengan penulis dapat melalui email: lubnaluben@gmail.com